



FIGURE 1A

1	CTGCGACCGGTCTGCCACTTGCCAGGTGACCGCTGATGGGAAGACCAGCTGTGTGTGCAG	60
61	GGAAAGCGAGGTGGGGGATGGGCGTGCCTGTCTACGGACACCTTGCTCCACGAGGTGCAGAA	120
121	GGCCACGCAGACAGGCCGGGTGTTCCTGCAGCTGAGGGTGGCCGTGCCCATGATGGACCA	180
1		4
181	GGGCTGCCCGGAAATCCTTACCACAGCGGGCCCTTTACCCGTGCTGGTGCCATCCCGTCTC	240
5	G C R E I L T T A G P F T V L V P S V S	24
241	CTCCTTCTCCTCCAGGACCATGAATGCATCCCTTGCCCCAGCAGCTCTGTAGACAGCACAT	300
25	S F S S R T M N A S L A Q Q L C R Q H I	44
301	CATCGCAGGGCAGCACATCCTGGAGGACACAAAGGACCCCAACAAACACGAAGGTGGTGAC	360
45	I A G Q H I L E D T R T Q Q T R R W T	64
361	GCTGGCCGGCAGGAGATCACCCGTACCTTTAACCAATTACGGAATACTCCTACAAGTA	420
65	L A G Q E I T V T F N Q F T K Y S Y K Y	84



FIGURE 1B

421	CAAAGACCGCCCGACGACGTTCAACATCTACAAGGCCAACAACATAGCAGCTAATGG	480
85	K D Q P Q Q T F N I Y K A N N I A A N G	104
481	CGTCTTCCACGTGGTCACTGGCCCTGCGGTGGCAGGCCCCCTCTGGGACCCCTGGGGATCC	540
105	V F H V V T G L R W Q A P S G T P G D P	124
541	CAAGAGAACTATCGGACAGATCCTCGCCTCTACCGAGGCCCTTCAGCCCGCTTTGAAAACCAT	600
125	K R T I G Q I L A S T E A F S R F E T I	144
601	CCTGGAGAACTGTGGGCTGCCCTCCATCCTGGACGGACCTGGGCCCTTCACAGTCTTTGC	660
145	L E N C G L P S I L D G P G P F T V F A	164
661	CCCAAGCAATGAGGCTGTGGACAGCTTGCGTGACGGCCCGCTGATCTACCTCTTCACAGC	720
165	P S N E A V D S L R D G R L I Y L F T A	184
721	GGTCTCTCTAAACTGCAGGAGTTGGTGCGGTACCAACATCTACAACCGCCAGCTGAC	780
185	G L S K L Q E L V R Y H I Y N H G Q L T	204
781	CGTTGAGAAAGCTCATCTCCAAGGTCGGATCCTCACCATGGCGAACCAGGTCCTGGCTGT	840
205	V E K L I S K G R I L T M A N Q V L A V	224



FIGURE 1C

841	GAACATTCTGAGGAGGGCGCATCCTGCTGGGACCCGAGGGGGTCCCGCTGCAGAGGGT	900
225	N I S E E G R I L L G P E G V P L Q R V	244
901	AGACGTGATGGCCGCAATGGCGTGATCCACATGCTGGACGGCATCCTGCTGCCCCCGAC	960
245	D V M A A N G V I H M L D G I L L P P T	264
961	CATCCTGCCCATCCTGCCCAAGCACTGCAGCGAGGAGCAGCACAAAGATTGTGGCGGGCTC	1020
265	I L P I L P K H C S E E Q H K I V A G S	284
1021	CTGTGTGGACTGCCAAGCCCTGAACACACAGCACGTGTCCCCCACAAGTGTGAAGCTGGA	1080
285	C V D C Q A L N T S T C P P N S V K L D	304
1081	CATCTTCCCCAAGGAGTGTGTCTACATCCATGACCCCAACGGGGCTCAATGTGCTAAAGAA	1140
305	I F P K E C V Y I H D P T G L N V L K K	324
1141	GGGCTGTGCCAGCTACTGCAACCAACCATCATGGAACAAGGCTGCTGCAAGGTTT	1200
325	G C A S Y C N Q T I M E Q G C C K G F F	344
1201	CGGGCCTGACTGCACGCAGTGTCTGGGGCTTCTCCAACCCCTGCTATGGCAAAGGCAA	1260
345	G P D C T Q C P G G F S N P C Y G K N	364



FIGURE 1D

1261	TTGCAGTGATGGGATCCAGGGCAATGGGGCCCTGCCTCTGCTTCCCAGACTACAAGGGCAT	1320
365	C S D G I Q G N G A C L C F P D Y K G I	384
~~~~~		
1321	CGCCTGCCACATCTGCTCGAACCACCAAGCATGGAGAGCAATGCCAGGAAGACTGCGG	1380
385	A C H I C S N P N K H G E Q C Q E D C G	404
~~~~~		
1381	CTGTGTCCATGGTCTCTGCGACAACCGCCAGGCAGTGGGGGGTGTGCCAGCAGGGCAC	1440
405	C V H G L C D N R P G S G G V C Q Q G T	424
~~~~~		
1441	GTGTGCCCCCTGGCTTCAGTGGCCGGTTCTGCAACGAGTCCATGGGGGACTGTGGGCCAC	1500
425	C A P G F S G R F C N E S M G D C G P T	444
~~~~~		
1501	AGGGCTGGCCCCAGCACTGCCACCTGCATGCCCGCTGTGTAGCCAGGAGGTGTGCCAG	1560
445	G L A Q H C H L H A R C V S Q E G V A R	464
~~~~~		
1561	ATGTCGCTGTCTTGATGGCTTTGAGGGTGATGGCTTCTCCTGCACACCTAGCAACCCCTG	1620
465	C R C L D G E G D G E S C T P S N P C	484
~~~~~		
1621	CTCCACCCGGACCGTGGAGGCTGCTCAGAGAATGCTGAGTGTCTCCCTGGGTCCCTGGG	1680
485	S H P D R G G C S E N A E C V P G S L G	504



FIGURE 1E

1681	CACCCACCACTGCACATGCCACAAAGGCTGGAGTGGGGATGGCCCGTCTGTGTGGCTAT	1740
505	T H H C T C H K G W S G D G R V C V A I	524
1741	TGACGAGTGTGAGCTGGACGTGAGAGTGGCTGCCACACCCGATGCCCTCTGCAGCTATGT	1800
525	D E C E L D V R G G C H T D A L C S Y V	544
1801	GGGCCCCGGCAGAGCCGATGCACCTGCAAGCTGGGCTTTGCCGGGATGGCTACCACTG	1860
545	G P G Q S R C T C K L G F A G D G Y Q C	564
1861	CAGCCCCATCGACCCCTGCCGGGCAGGCAATGGCGGCTGCCACGGCCTGGAGCTGGAGGC	1920
565	S P I D P C R A G N G G C H G L E L E A	584
1921	AAATGCCCCACTTCTCCATCTTCTACCAATGGCTTAAGAGTGCCGGCATCACGCTTCCTGC	1980
585	N A H F S I F Y Q W L K S A G I T L P A	604
1981	CGACCGCGAGTCACAGCCCTGGTGCCCTCCGAGGCTGCAGTCCGTCAGCTGAGCCCGA	2040
605	D R R V T A L V P S E A A V R Q L S P E	624
2041	GGACCGAGCTTCTGGCTGCAGCCAAGGACGCTGCCGAACCTGTCAGGGCCATTTCCT	2100
625	D R A F W L Q P R T L P N L V R A H F L	644



FIGURE 1F

2101	CCAGGGTGGCCCTCTTCGAGGAGAGCTGGCCCGGCTGGGTGGGCAGGAAGTGGCCACCCCT	2160
645	Q G A L F E E L A R L G G Q E V A T L	664
2161	GAACCCACACAGCTGGGAGATTTCGCAACATTAGTGGGAGGGTCTGGGTGCAGAAATGC	2220
665	N P T T R W E I R N I S G R V W V Q N A	684
2221	CAGCGTGGATGTGGCTGACCTCCTTGCCACCAACGGTGTCTCTACACATCCTCAGCCAGGT	2280
685	S V D V A D L L A T N G V L H I L S Q V	704
2281	CTTACTGCCCCCGAGGGGATGTGCCCGGTGGGCAGGGGTGTCTGCAGCAGCTGGACTT	2340
705	L L P P R G D V P G G Q G L L Q Q L D L	724
2341	GGTGGCTGCCCTTCAGCCTCTTCCGGGAATTGCTGCAGCACCATGGGTGGTGTCCCCAGAT	2400
725	V P A F S L F R E L L Q H H G L V P Q I	744
2401	TGAGGCTGCCACTGCCTACACCATCTTTGTGCCCCACCAACCGCTCCCTGGAGGCCAGGG	2460
745	E A A T A Y T I F V P T N R S L E A Q G	764
2461	CAACAGCAGTCACCTGGACGCAGACACAGTGCGGCACCATGTGTCTGGGGAGGCCCT	2520
765	N S S H L D A D T V R H H V V L G E A L	784



FIGURE 1G

2521	CTCCATGGAACCCCTGCGGAGGGTGGACACCGCAACTCCCTCTGGGCCCTGCCCACTG	2580
785	S M E T L R K G G H R N S L L G P A H W	804
2581	GATCGTCTTCTACAACCCACAGTGGCCAGCCCTGAGGTGAACCATGTGCCACTGGAAGGCC	2640
805	I V F Y N H S G Q P E V N H V P L E G P	824
2641	CATGCTGGAGGCCCTGGCCGCTCGCTGATTGGTCTGTCTGGGGTCCCTGACGGTGGGCTC	2700
825	M L E A P G R S L I G L S G V L T V G S	844
2701	AAGTCGCTGCCCTGCATAGCCACGCTGAGGCCCTGCGGGAGAAATGTGTAACTGCACCAG	2760
845	S R C L H S H A E A L R E K C V N C T R	864
2761	GAGATTCCGCTGCACCTCAGGGCTTCCAGCTGCAGGACACACCCAGGAAGAGCTGTGTCTA	2820
865	R F R C T Q G G F Q L Q D T P R K S C V Y	884
2821	CCGATCTGGCTTCTCCTTCTCCCGGGCTGCTCTTACACATGTGCCAAGAAGATCCAGGT	2880
885	R S G F S F S R G C S Y T C A K K I Q V	904
2881	GCCGGACTGCTGCCCTGGTTTCTTTGGCACGCTGTGTGAGCCATGCCCCAGGGGTCTAGG	2940
905	P D C C P G F F G T L C E P C P G G L G	924



FIGURE 1H

2941 GGGGGTGTCTCAGGCCCATGGGCAGTGCCACGACAGGTTCTCTGGGCACGGGGAGTGCCA 3000
925 G V C S G H G Q C Q D R F L G S G E C H 944

~~~~~  
3001 CTGCCACGAGGGCTTCCATGGAACGGCCCTGTGAGGTGTGTGAGCTGGGCCCGCTACGGGCC 3060  
945 C H E G F H G T A C E V C E L G R Y G P 964

~~~~~  
3061 CAACTGCACCGGAGTGTGTGACTGTGCCCATGGGCTGTGCCAGGAGGGGCTGCAAGGGGA 3120
965 N C T G V C D C A H G L C Q E G L Q G D 984

~~~~~  
3121 CGGAAGCTGTGTCTGTAACGTGGGCTGGCAGGGCCCTCCGCTGTGACCAAGAAATCACCAG 3180  
985 G S C V C N V G W Q G L R C D Q K I T S 1004

~~~~~  
3181 CCCTCAGTGCCCTAGGAAGTGCAGACCCCAATGCCAACTGCGTGCAGGACTCGGCCGGAGC 3240
1005 P Q C C P R K C D P N A N C V Q D S A G A 1024

~~~~~  
3241 CTCCACCTGCGCCTGTGCTCGGGGATFACTCCGGCAATGGCATCTTCTGTTTCAGAGGTGA 3300  
1025 S T C A C A A G Y S G N G I F C S E V D 1044

~~~~~  
3301 CCCCTGCGCCACGGCCATGGGGGTGCTCCCCCTCATGCCCAACTGTACCAAGGTGCACC 3360
1045 P C A H G G H G G C S P H A N C T K V A P 1064



FIGURE 1I

3361	TGGGCAGCGGACATGCACCTGCCAGGATGGCTACATGGCGGACGGGGAGCTGTGCCAGGA	3420
1065	G Q R T C T C Q D G Y M G D G E L C Q E	1084
3421	AATTAACAGCTGTCTCATCCACCACGGGGCTGCCACATTACGCCCGAGTGCATCCCCAC	3480
1085	I N S C L I H H G G C H I H A E C I P H	1104
3481	TGGCCCCCAGCAGGTCTCTGCAGCTGCCGTGAGGGTTACAGCGGGGATGGCATCCGGAC	3540
1105	G P Q Q V S C S R E G Y S G D G I R T	1124
3541	CTGCGAGCTCCTGGACCCCTGCTCTAAGAACAAATGGAGGATGCAGCCCATATGCCACCTG	3600
1125	C E L L D P C S K N N G G C S P Y A T C	1144
3601	CAAAAGCACAGGGGATGCCAGAGGACATGTACCTGCGACACAGCCCACACCGTGGGGA	3660
1145	K S T G D G Q R T C T C D T A H T V G D	1164
3661	CGGCTCACCTGCCGTGCCCGAGTCGGCCCTGGAGCTCCTGAGGGATAAGCATGCCCTCATTT	3720
1165	G L T C R A R V G G L E L L R D K H A S F	1184
3721	CTTCAGCCTCCGCCCTCCTGGAATATAAGGAGCTCAAGGCGGATGGGCCTTTCACCATCTTT	3780
1185	F S L R L L E Y K E L K G D G P F T I F	1204



FIGURE 1J

3781	CGTGCCGACGAGATCTAATGAGCAACCTGTCTCGCAGGATGAGCTGGCCCCGGATTCTGTGC	3840
1205	V P H A D L M S N L S Q D E L A R I R A	1224
3841	GCATCGCCAGCTGGTGTTCGCTACCAACGTGGTGGCTGTCTGGCGGCTGCCGAGCGAGGA	3900
1225	H R Q L V F R Y H V V G C R R L R S E D	1244
3901	CCTGCTGGAGCAGGGGTACGCCACGGCCCTCTCTCAGGGCACCCACTGCGCTTCAGCGAGAG	3960
1245	L L E Q G Y A T A L S G H P L R F S E R	1264
3961	GGAGGGCAGCATATACCTCAATGACTTCGCGCGCGTGGTGAGCAGCGACCATGAGGCCGT	4020
1265	E G S I Y L N D F A R V V S S D H E A V	1284
4021	GAACGGCATCCTGCACTTCATTGACCGTGTCTGTCTGCCCCCCGAGCGCGTGCACCTGGGA	4080
1285	N G I L H F I D R V L L P P E A L H W E	1304
4081	GCCTGATGATGCTCCCATCCCGAGGAGAAATGTACCGCCGCCCGCCAGGGCTTCGGTTA	4140
1305	P D D A P I P R R N V T A A A Q G F G Y	1324
4141	CAAGATCTTCAGCGGCCCTCCCTGAAGGTGGCCGGCCTCCTGCCCCCTGCTTCGAGAGGCATC	4200
1325	K I F S G L L K V A G L L P L L R E A S	1344



FIGURE 1K

4201	CCATAGGCCCTTCACAAATGCTGTGGCCACAGACGCCGCTTTCGAGCTCTGCCCTCCGGA	4260
1345	H R P F T M L W P T D A A F R A L P P D	1364
4261	TCGCCAGGCCCTGGCTGTACCATGAGGACCAACCGTGACAAAGCTAGCAGCCATTCTGCGGGG	4320
1365	R Q A W L Y H E D H R D K L A A I L R G	1384
4321	CCACATGATTTCGCAATGTCGAGGCCCTTGGCATCTGACCTGCCCAACCTGGGCCCACTTCG	4380
1385	H M I R N V E A L A S D L P N L G P L R	1404
4381	AACCATGCATGGGACCCCACTCTCTTCTCCTGCAGCCGAACGGGCCCGGTGAGCTCAT	4440
1405	T M H G T P I S F S E S R T R P G E L M	1424
4441	GGTGGTGAGGATGATGCTCGCATTTGTGCAGCGGCACTTGCCCTTTGAGGGTGGCCTGGC	4500
1425	V G E D D A R I V Q R H L P F E G G L A	1444
4501	CTATGGCATCGACCAGCTGCTGGAGCCACCTGGCCCTTGGTGCCTCGCTGTGACCACCTTGA	4560
1445	Y G I D Q L L E P P G L G A R C D H F E	1464
4561	GACCCGGCCCTGCGACTGAACACCTGCAGCATCTGTGGGCTGGAGCCACCCCTGTCCTGA	4620
1465	T R P L R L N T C S I C G L E P P C P E	1484



FIGURE 1L

4621	GGGGTCACAGGAGCAGGGCAGCCCTGAGGCCCTGCTGGCGCTTCTACCCGAAAGTTCTGGAC	4680
1485	G S Q E Q G S P E A C W R F Y P K F W T	1504
4681	GTCCCCCTCCGCTGCACCTCTTTTGGGATTACGCAGCGTCTGGGTCCACCCAGCCCTTTGGGG	4740
1505	S P P L H S L G L R S V W V H P S L W G	1524
4741	TAGGCCCCAAGGCCCTGGGCAGGGGCTGCCACCGCAATTGTGTCAACCACCTGGAAGCC	4800
1525	R P Q G L G R G C H R N C V T T T W K P	1544
4801	CAGCTGCTGCCCTGGTCACCTATGGCAGTGAGTGCCAAAGCTTGCCCTGGCGGCCCCAGCAG	4860
1545	S C C P G H Y G S E C Q A C P G G P S S	1564
4861	CCCTTGTTAGTGACCGTGGCGTGTGCATGGACGGCATGAGTGGCAGTGGGCAGTGTCTGTG	4920
1565	P C S D R G V C M D G M S G S G Q C L C	1584
4921	CCGTTCAGGTTTTCCTGGACAGCCCTGTGAACCTGTGTCTCCTGGTGCCCTTTGGGCCCCA	4980
1585	R S G F A G T A C E L C A P G A F G P H	1604
4981	TTGTCAAGCCTGCCGCTGCACCTGTGCATGGCCGCTGTGATGAGGGCCCTTTGGGGCTCTGG	5040
1605	C Q A C R C T V H G R C D E G L G S G	1624



FIGURE 1M

~~~~~  
5041 CTCCCTGCTTCTGTGATGAAGGCTGGACTGGGCCACGCTGTGAGGTTGCAACTGGAGCTGCA 5100  
1625 S C F C D E G W T G P R C E V Q L E L Q 1644  
  
5101 GCCTGTGTACCCACCCCTGTGTCACCCGAGGCTGTGTGCCGTGCAGGCAACAGCTGTGA 5160  
1645 P V C T P C A P E A V C R A G N S C E 1664  
  
5161 GTGCAGCCCTGGGCTATGAAGGGGATGGCCGTGTGTGTACAGTGGCAGACCTGTGCCAGGA 5220  
1665 C S L G Y E G D G R V C T V A D L C Q D 1684  
  
5221 CGGGCATGGTGGCTGCAGTGAGCACGCCAACTGTAGCCAGGTAGGAACAATGGTCACTTG 5280  
1685 G H G G C S E H A N C S Q V G T M V T C 1704  
  
5281 TACCTGCCCTGCCCGACTACGAGGGTGATGGCTGGAGCTGCCGGGCCCGCAACCCCTGCAC 5340  
1705 T C L P D Y E G D G W S C R A R N P C T 1724  
  
5341 AGATGGCCACCGGGGGCTGCAGCGAGCACGCCAACTGCTTGAGCACCGGCCCTGAACAC 5400  
1725 D G H R G G C S E H A N C L S T G L N T 1744  
  
5401 ACGGCGCTGTGAGTGCCACGAGGCTACGTAGCGGATGGACTGCAGTGTCTGGAGGAGTC 5460  
1745 R R C E C H A G Y V G D G L Q C L E E S 1764



FIGURE 1N

|      |                                                               |      |
|------|---------------------------------------------------------------|------|
| 5461 | GGAACCACTGTGGACCGCTGCTTGGGCCAGCCACCGCCCTGCCACTCAGATGCCATGTG   | 5520 |
| 1765 | E P P V D R C L G Q P P P C H S D A M C                       | 1784 |
| 5521 | CACTGACCTGCACCTTCCAGGAGAAACGGGCTGGCGTTTTCACCTCCAGGCCACCGCGG   | 5580 |
| 1785 | T D L H F Q E K R A G V F H L Q A T S G                       | 1804 |
| 5581 | CCCTTATGGTCTGAACCTTTTCGGAGGCTGAGGGCGCATGCGAAGCACAGGAGCCGTCCT  | 5640 |
| 1805 | P Y G L N F S E A E A A C F A Q G A V L                       | 1824 |
| 5641 | TGCTTCATTCCCTCAGCTCTCTGCTGCCAGCAGCTGGGCTTCCACCTGTGCCCTCATGGG  | 5700 |
| 1825 | A S F P Q L S A A Q O L G F H L C L M G                       | 1844 |
| 5701 | CTGGCTGGCCCAATGGCTCCACTGCCACCCCTGTGGTTTTCCTGTGGCGGACTGTGGCAA  | 5760 |
| 1845 | W L A N G S T A H P V V F P V A D C G N                       | 1864 |
| 5761 | TGGTCGGGTGGCATAAGTCAGCCCTGGGTGCCCGCAAGAACCTCTCAGAACGCTGGGATGC | 5820 |
| 1865 | G R V G I V S L G A R K N L S E R W D A                       | 1884 |
| 5821 | CTACTGCTTCGCTGCAAGATGTGGCCTGCCGATGCCGAAATGGCTTCGTGGGTGACGG    | 5880 |
| 1885 | Y C F R V Q D V A C R C R N G F V G D G                       | 1904 |



FIGURE 10

|      |                                                               |      |
|------|---------------------------------------------------------------|------|
| 5881 | GATCAGCACGTCGAATGGGAAGCTGCTGGATGTGCTGGCTGCCACTGCCAACTTCTCCAC  | 5940 |
| 1905 | I S T C N G K L L D V L A A T A N F S T                       | 1924 |
| 5941 | CTTCTATGGGATGCTATTGGGCTATGCCAATGCCACCCAGCGGGTCTCGACTTCTCTGGA  | 6000 |
| 1925 | F Y G M L L G Y A N A T Q R G L D F L D                       | 1944 |
| 6001 | CTTCCTGGATGATGAGCTCACGTATAAGACACACTCTTCGTCCCTGTCAATGAAGCCTTGT | 6060 |
| 1945 | F L D D E L T Y K T L F V P V N E G F V                       | 1964 |
| 6061 | GGACAAATGACGCTGAGTGGCCCAAACCTGGAGCTGCATGCCCTCCAACGCCACCTCCT   | 6120 |
| 1965 | D N M T L S G P K L E L H A S N A T L L                       | 1984 |
| 6121 | AAGTGCCAAACGCCAGCCAGGGAAGTTGCTTCGGGCCCACTCAGGCCCTCAGCCTCATCAT | 6180 |
| 1985 | S A N A S Q G K L L P A H S G L S L I I                       | 2004 |
| 6181 | CAGTGACGAGGCCCTGACAACAGTTCCTGGGCCCCCTGTGGCCCCCAGGGACAGTTGTGGT | 6240 |
| 2005 | S D A G P D N S S W A P V A P G T V V                         | 2024 |
| 6241 | TAGCCGTATCATTTGTGGGACATCATGGCCCTTCAATGGCATCATCCATGCTCTGGCCAG  | 6300 |
| 2025 | S R I I V W D I M A F N G I I H A L A S                       | 2044 |



FIGURE 1P

|      |                                                                  |      |
|------|------------------------------------------------------------------|------|
| 6301 | CCCCCTCCTGGCACCCCCACAGCCCCCAGGCAGTGCTGGCGCNCNTGAAAGCCCCACCTGTGGC | 6360 |
| 2045 | P L A P P Q P Q A V L A X E A P P V A                            | 2064 |
| 6361 | GGCAGGCGTGGGGCTGTGCTTGCCCGCTGGAGCACTGCTTGGCTTGGTGGCCGGAGCTCT     | 6420 |
| 2065 | A G V G A V L A A G A L L G L V A G A L                          | 2084 |
| 6421 | CTACCTCCGTGCCCGAGGCAAGCCCAATGGGCTTGGCTTCTCTGCTTCCAGCGGAAGA       | 6480 |
| 2085 | Y L R A R G K P M G F G F S A F Q A E D                          | 2104 |
| 6481 | TGATGCTGATGACGANTTCTCACCGTGGCAAGAAAGGACCAACCCCAACNTTGGTNTNTGT    | 6540 |
| 2105 | D A D X F S P W Q E G T N P T L V X V                            | 2124 |
| 6541 | CCCCAACCCCTGTCTTGGCAGCGACACCTTTTGTGAACCCCTTCGATGACTCAGCTGCTGA    | 6600 |
| 2125 | P N P V F G S D T F C E P F D D S L L E                          | 2144 |
| 6601 | GGAGGACTTCCCTGACACCCAGAGGATCCTCACAGTCAAGTGACGAGGCTGGGGCTGAAA     | 6660 |
| 2145 | E D F P D T Q R I L T V K *                                      | 2158 |
| 6661 | GCAGAAGCATGCACAGGGAGGAGACCANTTTTATTGCTTGTCTGGGTGGATGGGGCAGGA     | 6720 |
| 6721 | GGGNCCTGAGGGCCTGTCCAGACAAATANNNGTNCCTCGAG                        | 6761 |





FIGURE 2A

```
1  GAGCAGCCAACTGTAGCCAGGTAGGAACAATGGTCACCTTGCTACCTGCCCCGACTAC 60
1  M V T C T C L P D Y 10

61  GAGGTGATGGCTGGAGCTGCCGGGCGCCCAACCCCTGCACAGATGGCCACCGCGGGGC 120
11  E G D G W S C R A R N P C T D G H R G G 30

121  TGCAGCGAGCAGCCAACTGCTTGAGCACCGGCGCTGAACACACGCGCGTGTGAGTGCCAC 180
31  C S E H A N C L S T G L N T R R C E C H 50

181  GCAGGCTACGTAGGCGATGGACTGCCAGTGTCTGGAGGAGTCGGAACACACCTGTGGACCGC 240
51  A G Y V G D G L Q C L E S E P P V D R 70

241  TGCTTGGGCCAGCCACCGCCCTGCCACTCAGATGCCATGTGCACTGACCTGCACCTTCCAG 300
71  C L G Q P P P C H S D A M C T D L H F Q 90

301  GAGAAACGGGCTGGCGTTTCCACCTCCAGGCCACAGCGGCCCTTATGGTCTGAACCTT 360
91  E K R A G V F H L Q A T S G P Y G L N F 110

*****

361  TCGGAGGCTGAGGCGGCATGCGAAGCACAGGAGCGCTCCTTGCTTCATTCCCTCAGCTC 420
111  S E A E A A C E A Q G A V L A S F P Q L 130
```



FIGURE 2B

```
*****  
421 TCTGTGCCAGCAGCTGGGCTTCCACCTGTGCCCTCATGGGCTGGCTGGCCAATGGCTCC 480  
131 S A A Q O L G F H L C L M G W L A N G S 150  
*****  
481 ACTGCCCCACCTGTGGTTTCCCTGTGGCGGACTGTGGCAATGGTCGGGTGGGCATAGTC 540  
151 T A H P V V F P V A D C G N G R V G I V 170  
*****  
541 AGCCTGGGTGCCCCGCAAGAACCTCTCAGAACGCTGGGATGCCCTACTGCTTCCGTGTGCAA 600  
171 S L G A R K N L S E R W D A Y C F R V Q 190  
*****  
601 GATGTGGCCTGCCGATGCCGAAATGGCTTCGTGGGTGACGGGATCAGCACGTGCAATGGG 660  
191 D V A C R C R N G F V G D G I S T C N G 210  
*****  
661 AAGCTGCTGGATGTGCTGGCTGCCACTGCCAACTTCTCCACCTTCTATGGGATGCTATTG 720  
211 K L L D V L A A T A N F S T F Y G M L L 230  
*****  
721 GGCTATGCCAATGCCACCCAGCGGGTCTCGACTTCTCGACTTCTCGGACTTCTCGGATGATGAGCTC 780  
231 G Y A N A T Q R G L D F L D F L D D E L 250  
*****  
781 ACGTATAAGACACTCTTGTCCCTGTCAATGAAGGCTTGTGGACAACATGACCGTGTAGT 840  
251 T Y K T L F V P V N E G F V D N M T L S 270
```



FIGURE 2C

|      |                                                                 |      |
|------|-----------------------------------------------------------------|------|
| 841  | GGCCCCAACTTGGAGCTGCATGCCCTCCAACGCCACCCCTCCTAAGTGCCCAACGCCAGCCAG | 900  |
| 271  | G P N L E L H A S N A T L L S A N A S Q                         | 290  |
| 901  | GGGAAGTTGCTTCGGGCCCACTCAGGCCCTCAGCCCTCATCATCAGTGACGCGGCCCTGAC   | 960  |
| 291  | G K L L P A H S G L S L I I S D A G P D                         | 310  |
| 961  | AACAGTTCCTGGGCCCTGTGGCCCCCAGGGACAGTTGTGGTTAGCCGTATCATTTGTGTGG   | 1020 |
| 311  | N S S W A P V A P G T V V V S R I I V W                         | 330  |
| 1021 | GACATCATGGCCTTCAATGGCATCATCCATGCTCTGGCCAGCCCCCTCCTGGCACCCCA     | 1080 |
| 331  | D I M A F N G I I H A L A S P L L A P P                         | 350  |
| 1081 | CAGCCCCAGGCAGTGTGGCGCNTGAAGCCCCACCTGTGGCGGCAGCGTGGGGGCTGTG      | 1140 |
| 351  | Q P Q A V L A X E A P P V A A G V G A V                         | 370  |
| 1141 | CTTGCCGCTGGAGCACTGCTTGGCTTGGTGGCCGGAGCTCTCTACCTCCGTGCCCGAGGC    | 1200 |
| 371  | L A A G A L L G L V A G A L Y L R A R G                         | 390  |
| 1201 | AAGCCCATGGGCTTTGGCTTCTCTGCCCTTCCAGGCGGAAGATGATGCTGACGANTTC      | 1260 |
| 391  | K P M G F G F S A F Q A E D D A D D X F                         | 410  |



FIGURE 2D

|      |                                                                |                                                     |      |
|------|----------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|------|
| 1261 | TCACCGTGGCAAGAAGGACCAACCCACN                                   | TTGGTNTNTGTCCCCAACCCCTGTCTTTGGC                     | 1320 |
| 411  | S P W Q E G T N P T L V X V P N P V F G                        |                                                     | 430  |
| 1321 | AGCGACACCC                                                     | TTTGTGAACCCCTTCGATGACTCACTGCTGGAGGAGGACTTCCCTGACACC | 1380 |
| 431  | S D T F C E P F D D S L L E E D F P D T                        |                                                     | 450  |
| 1381 | CAGAGGATCCCTCACAGTCAAGTGACGAGGCTGGGGCTGAAAGCAGAAAGCATGCACAGGGA |                                                     | 1440 |
| 451  | Q R I L T V K *                                                |                                                     | 458  |
| 1441 | GGAGACCANTTTTATTGCTTGTCTGGGTGGATGGGGCAGGAGGNGCTGAGGGCCCTGTCCC  |                                                     | 1500 |
| 1501 | AGACAATANNNGTNCCCTCGAG                                         | 1522                                                |      |



FIGURE 3A

1 GCCCACGGTCCGACCGGACAGCTCGGGCCCCCNAGAGCTCTAGCCGTNGAGGAGCTG 60  
61 CCTGGGACGTTTGCCCTGGGGCCCCAGCCTGGCCCCGGGTCAACCCTGGCATGAGGAGATG 120  
1 M  
121 GGCCTGTTGCTCCTGGTCCCATTTGCTCCTGTGCTGCCCCGGCTCCTACGGACTGCCCTTCTAC 180  
2 G L L L V P L L L L P G S Y G L P F Y 21  
181 TACGGCTTCTACTCTCAACAGCGCCCAACGACCAGAACCTAGGCAACGGTCAATGGCAAA 240  
22 Y G F Y Y S N S A N D Q N L G N G H G K 41  
241 GACCTACNTAATGGAGTGAAGCTGGTGGTGAGACACCCGAGGAGACCCCTGTTCACCTAC 300  
42 D L X N G V K L V V E T P E E T L F T Y 61  
301 CAAGGGCCAGTGTGATCCTGCCCCTGCCGCTACCGCTACGAGCCGGCCCTGGTCTCCCCG 360  
62 Q G A S V I L P C R Y R Y E P A L V S P 81  
361 CGGCGTGTGCGTCAATGGTGAAGCTGTGCGAGAACGGGGCCCCCAGAGAAGGACGTG 420  
82 R R V R V K W W K L S E N G A P E K D V 101



FIGURE 3B

|     |                                                              |     |
|-----|--------------------------------------------------------------|-----|
| 421 | CTGGTGGCCATCGGGCTGAGGCACCGCTCCTTTGGGGACTACCAAGGCCGCGTGCACTG  | 480 |
| 102 | <u>L V A I G L R H R S F G D Y Q G R V H L</u>               | 121 |
| 481 | CGGCAGGACAAAGAGCATGACGTCTCGNTGGAGATCCAGGNTCTGCGGCTGGAGGACTAT | 540 |
| 122 | <u>R Q D K E H D V S X E I Q X L R L E D Y</u>               | 141 |
| 541 | GGCGGTTACCGCTGTGAGGTCATNGACGGGCTGGAGGATGAAAGCGGTCTGTGGAGCTG  | 600 |
| 142 | <u>G R Y R C E V X D G L E D E S G L V E L</u>               | 161 |
| 601 | GAGCTGCGGGTGTGGTCTTTCTTACCAGTCCCCAACGGGCGCTACCAAGTCAACTTC    | 660 |
| 162 | <u>E L R G V V F P Y Q S P N G R Y Q F N F</u>               | 181 |
|     | *****                                                        |     |
| 661 | CACGAGGCCAGCAGGTCTGTGCAGAGCAGGCTGCGGTGGTGGCCTCCTTTGAGCAGCTC  | 720 |
| 182 | <u>H E G Q Q V C A E Q A A V V A S F E Q L</u>               | 201 |
|     | *****                                                        |     |
| 721 | TTCCGGGCTGGAGGAGGGCCTGGACTGGTGCAACGCGGGCTGGCTGCAGGATGCCACG   | 780 |
| 202 | <u>F R A W E E G L D W C N A G W L Q D A T</u>               | 221 |
|     | *****                                                        |     |
| 781 | GTGCAGTACCCCATCATGTGCCCCGGCAGCCCTGCGGTGGCCCCGACCTGGCACCTGGC  | 840 |
| 222 | <u>V Q Y P I M L P R Q P C G G P D L A P G</u>               | 241 |



FIGURE 3C

|     |                                                                |     |
|-----|----------------------------------------------------------------|-----|
| 841 | GTGCGAAGCTACGGCCCCCGCCACCGCCCGCTGCACCGCTATGATGTATTCTGCTTCGCT   | 900 |
| 242 | <u>V R S Y G P R H R R L H R Y D V F C F A</u>                 | 261 |
| 901 | ACTGCCCTCARGGGCGGGTGTACTACCTGGANCAACCCCTGAGAAANCTGACNCTGACANAA | 960 |
| 262 | <u>T A L X G R V Y Y L X H P E X L T L T X</u>                 | 281 |
| 961 | GCAAGGGAAGCCTGCCAAGAAAAT                                       | 985 |
| 282 | <u>A R E A C Q E K</u>                                         | 289 |



FIGURE 4A

1 GGAATCACATGCACAGTTGTGGATTYYTGCAAAACAGGACAACGGGGCTGTGCAAAGGTG 60  
61 GCCAGATGCTCCCAGAAAGGCACGAAGGTCTCCTGCAGCTGCCAGAAAGGGATACAAAGGG 120  
121 GACGGGCACAGCTGCACAGAGATAGACCCCTGTGCAGACGGCCTTAACGGAGGGTGTCTAC 180  
181 GAGCACGCCACCTGTAAGATGACAGGCCCGGCAAGCACAAGTGTGAGTGTAAAAGTCTAC 240  
1 M T G P G K K H K C E C K S H 14  
241 TATGTCGGAGATGGGCTGAACCTGTGAGCCGGAGCAGCTGCCCATTTGACCGCTGCTTACAG 300  
15 Y V G D G L N C E P E Q L P I D R C L Q 34  
301 GACAATGGGCAGTGCCATGCAGACGCCAAATGTGTGCGACCTCCACTTCCAGGATACCACT 360  
35 D N G Q C H A D A K C V D L H F Q D T T 54  
361 GTTGGGGTGTTCATCTACGCTCCCCACTGGGCCAGTATAAGCTGACCTTTGACAAAGCC 420  
55 V G V F H L R S P L G Q Y K L T F D K A 74  
421 AGAGAGGCCCTGTGCCCAACGAAGCTGCGACCATGGCAACCTACAAACAGCTCTCCTATNNC 480  
75 R E A C A N E A A T M A T Y N Q L S Y X 94





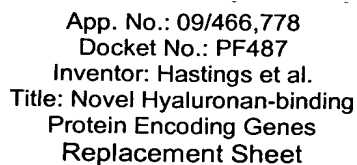
FIGURE 4B

|     |                                                               |     |
|-----|---------------------------------------------------------------|-----|
| 481 | CAGAAGGCCAAGTACCACCTGTGCTCAGCAGGCTGGCTGGAGACCGGGGTGCCTAC      | 540 |
| 95  | Q K A K Y H L C S A G W L E T G R V A Y                       | 114 |
| 541 | CCCACAGCCTTCGCCCTCCAGAACTGTGGCTCTGCTGGTGGTAGTGGACTATGGA       | 600 |
| 115 | P T A F A S Q N C G S G V V G I V D Y G                       | 134 |
| 601 | CCTAGACCCCAACAAGAGTGAATGTGGGATGTCTTCTGCTATCGGATGAAAGATGTGAAC  | 660 |
| 135 | P R P N K S E M W D V F C Y R M K D V N                       | 154 |
| 661 | TGCACCTNCAAGGTGGGCTATGTGGGAGATGGCTTCTCATACAGTGGGAACCTGCTGCAG  | 720 |
| 155 | C T X K V G Y V G D G F S Y S G N L L Q                       | 174 |
| 721 | GTCCTGATGTCCTTCCCCCTCACTCACAAACTTCCTGACGGAAGTGCTGGCCTATTCCAAC | 780 |
| 175 | V L M S F P S L T N F L T E V L A Y S N                       | 194 |
| 781 | AGCTCAGCTCGAGGCCGTGCATTTCTAGAACACCTGACTGACCTGTCCATCCGGCGCAC   | 840 |
| 195 | S S A R G R A F L E H L T D L S I R G T                       | 214 |



FIGURE 4C

|      |                                                                |      |
|------|----------------------------------------------------------------|------|
| 841  | CTCTTTGTNCCACAGAACAGTGGGCTGGGGAGAGATGAGACCTTGTCTGGCGGGACATC    | 900  |
| 215  | <u>L</u> F V P Q N S G L G E N E T L S G R D I                 | 234  |
| 901  | GAGCACCACTCGCCAAATGTCAGCATGTTTCTTCTACAATGACCTTGTCAATGGCACCCACC | 960  |
| 235  | E H H L A N V S M F F Y N D L V N G T T                        | 254  |
| 961  | CTGCAAAACGAGGCTGGGAAGCAAGCTGCTCATCACTGACAGACAGGACCCACTCCACCCG  | 1020 |
| 255  | L Q T R L G S K L L I T D R Q D P L H P                        | 274  |
| 1021 | ACGGAGACCAGGTGTGTGATGGAAGAGACACTCTGGAGTGGGACATCTGTGCCTCCAAT    | 1080 |
| 275  | T E T R C V D G R D T L E W D I C A S N                        | 294  |
| 1081 | GGGATCACACATGTCATTTCCAGGYCTTTAAAGCACCCCTGCCCCCGTGACCTTGNCC     | 1140 |
| 295  | G I T H V I S R X L K A P P A P V T L X                        | 314  |
| 1141 | CACACTGGNTTGGGAGNAGGATCTTCTNTGNCAATCATCCTGGTGACTGGGGCTGTGCC    | 1200 |
| 315  | H T G L G X G I F X X I I L V T G A V A                        | 334  |
| 1201 | TTGGCTGCTTACTCCTACTTTCGGATAAACCGGAAACAAATCGGCTTCCANCATTTTGA    | 1259 |
| 335  | L A A Y S Y F R I N R K T I G F X H F                          | 353  |



|    |                                  |           |           |                         |
|----|----------------------------------|-----------|-----------|-------------------------|
|    | 10                               | 20        | 30        |                         |
| 11 | MMDQGCREILTTAGPFTVLVPSVSFSST     |           |           | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 11 | T M - - - - -                    | - - - - - | - - - - - | Human TSG-6 (gi 339994) |
|    | 40                               | 50        | 60        |                         |
| 31 | MNASLAQQLCRQHIIAGQHILEDTRTQQTR   |           |           | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 7  | - - - - -                        | - - - - - | - - - - - | Human TSG-6 (gi 339994) |
|    | 70                               | 80        | 90        |                         |
| 61 | RWNTLAQGEITVTFTFNQFTKYSYKYKDQPQQ |           |           | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 7  | - - - - -                        | - - - - - | - - - - - | Human TSG-6 (gi 339994) |
|    | 100                              | 110       | 120       |                         |
| 91 | TFNIIYKANNTAANGVFHVVTGLRWQAPSGT  |           |           | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 7  | - - - - -                        | - - - - - | - - - - - | Human TSG-6 (gi 339994) |



FIGURE 5B

|     |                                      |                    |                 |                         |
|-----|--------------------------------------|--------------------|-----------------|-------------------------|
| 121 | 130                                  | 140                | 150             |                         |
| 7   | <b>PGDPKRTIGQILAST</b>               | <b>EFETILENCGL</b> |                 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|     | <b>RRTKDKTASRTE</b>                  |                    |                 | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     |                                      |                    |                 |                         |
|     | 160                                  | 170                | 180             |                         |
| 151 | <b>PSILDGPGPFTVFAPSNEAVDSL</b>       | <b>RDRGLIY</b>     |                 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 43  |                                      |                    |                 | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     |                                      |                    |                 |                         |
|     | 190                                  | 200                | 210             |                         |
| 181 | <b>LFTAGLSKLQELVRYHIYNHGQLTVEKLI</b> | <b>SS</b>          |                 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 43  |                                      |                    |                 | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     |                                      |                    |                 |                         |
|     | 220                                  | 230                | 240             |                         |
| 211 | <b>KGRILTMANOVLA</b>                 | <b>VNISEEGRI</b>   | <b>LLGPEGVP</b> | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 46  | <b>KG</b>                            |                    |                 | Human TSG-6 (gi 339994) |



FIGURE 5C

|     |                     |          |     |                         |
|-----|---------------------|----------|-----|-------------------------|
| 241 | 250                 | 260      | 270 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 52  | LORVDVMAANGVIHMLDGI | LLPPTILP | ILP | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 271 | 280                 | 290      | 300 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 52  | KHCSEEQHKIVAGSCVDCO | ALNTSTCP | PN  | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 301 | 310                 | 320      | 330 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 52  | VKLDIFPKECVYIHDPTGL | NVLKKGCA | SYC | Human TSG-6 (gi 339994) |



FIGURE 5D

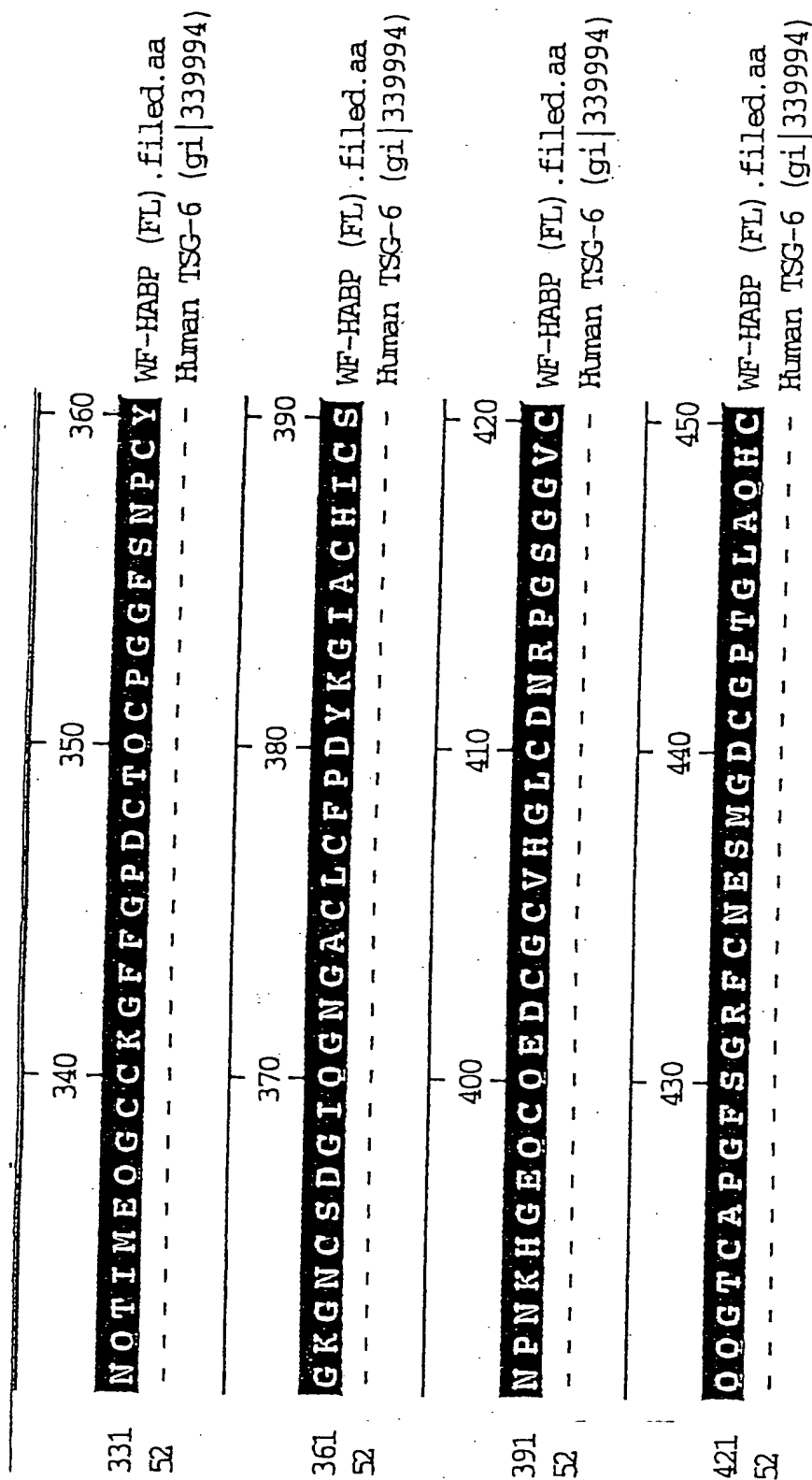




FIGURE 5E

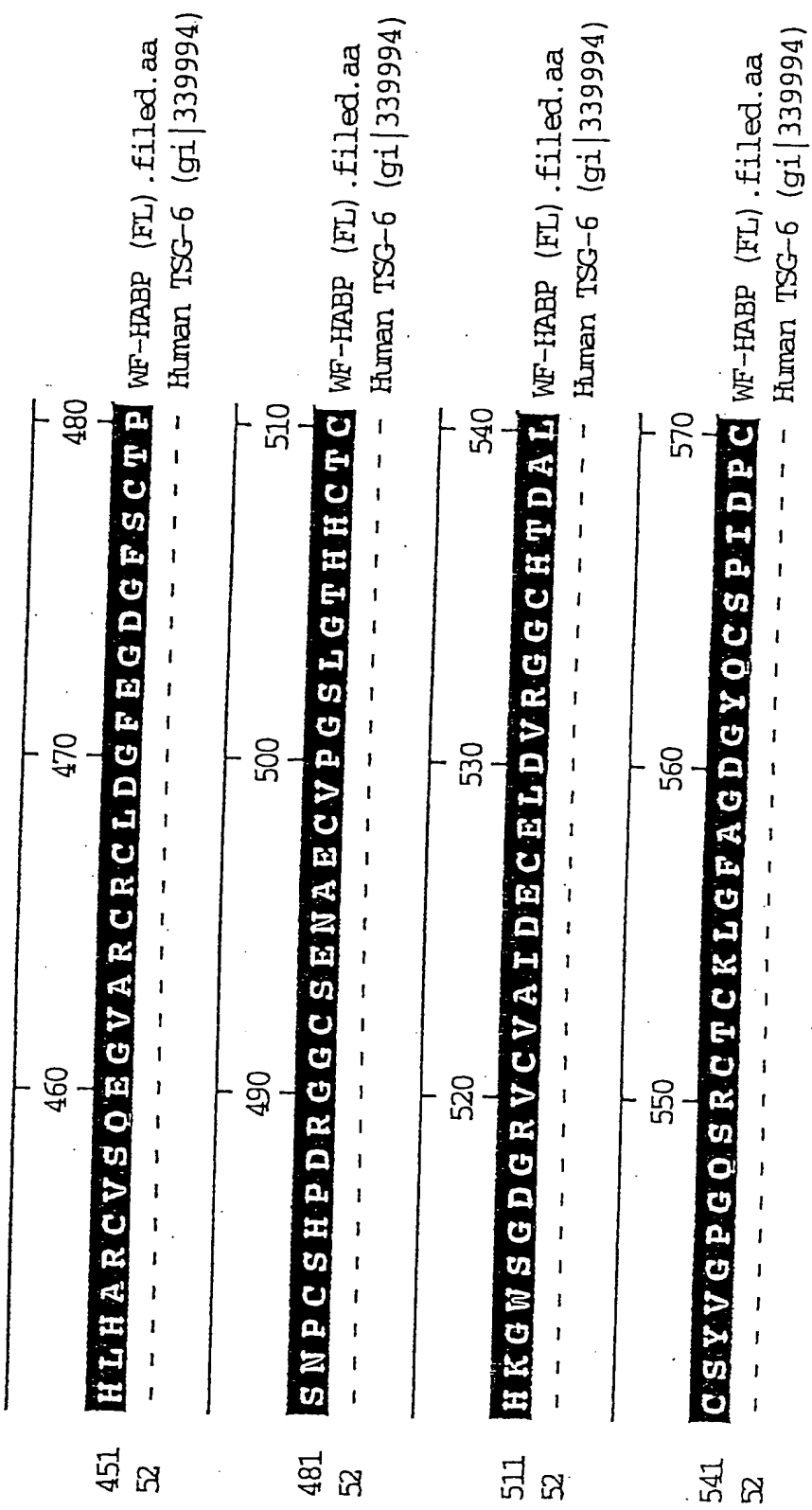




FIGURE 5F

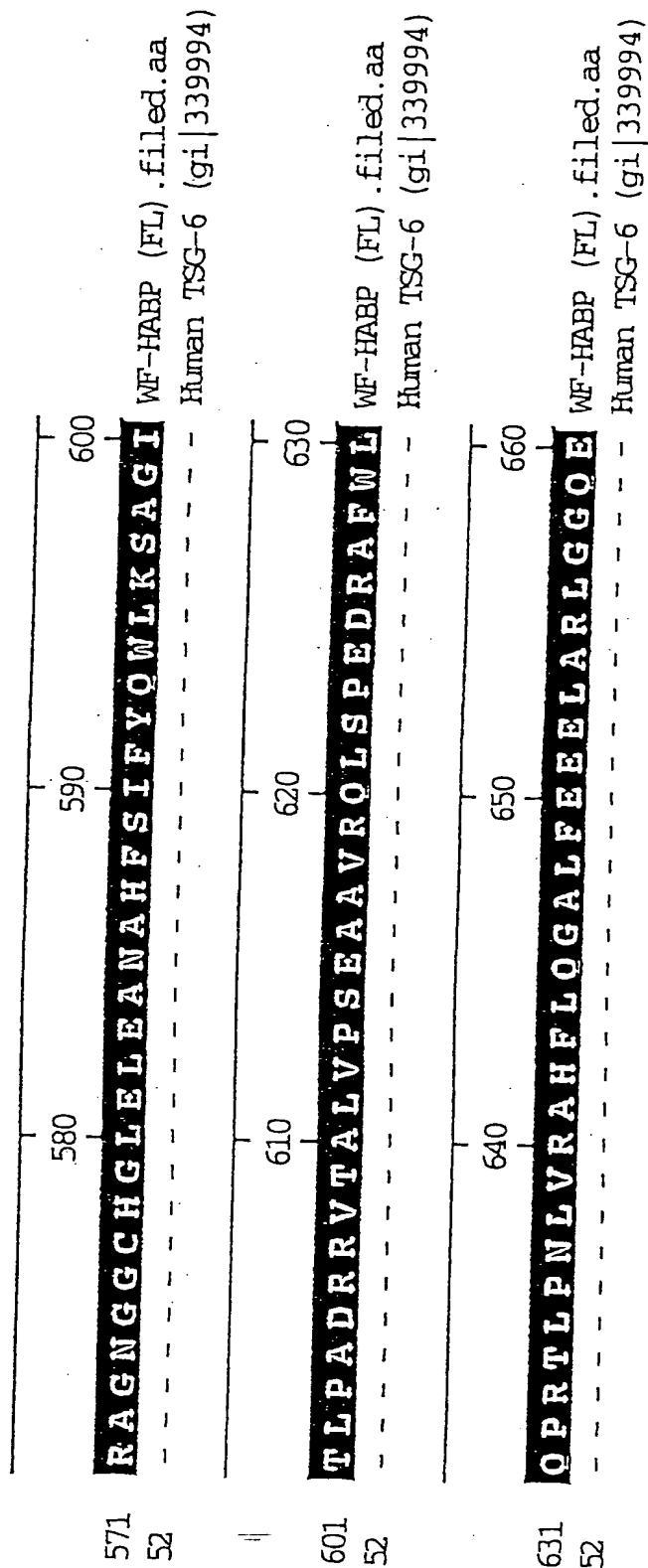






FIGURE 5G

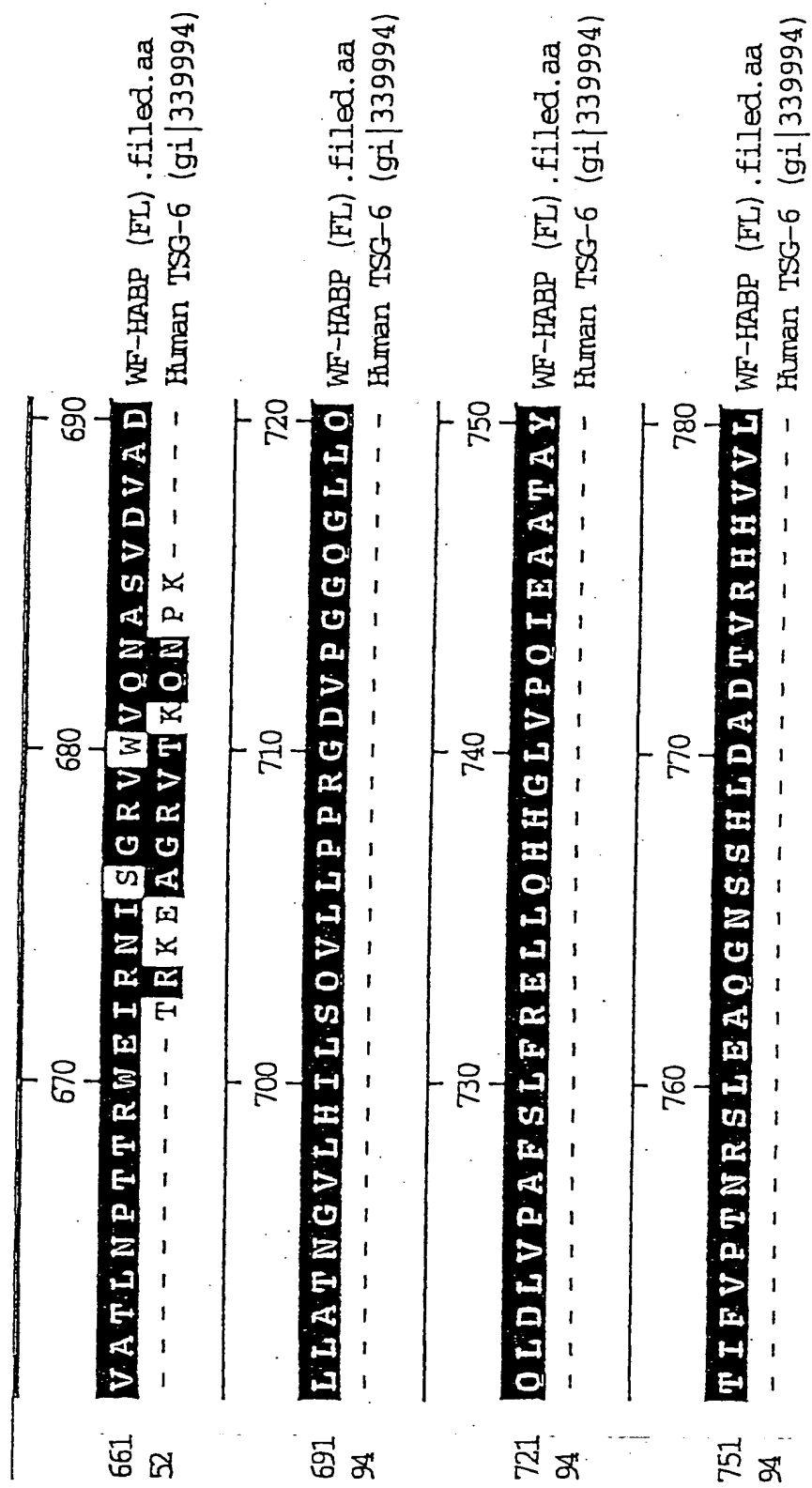




FIGURE 5H

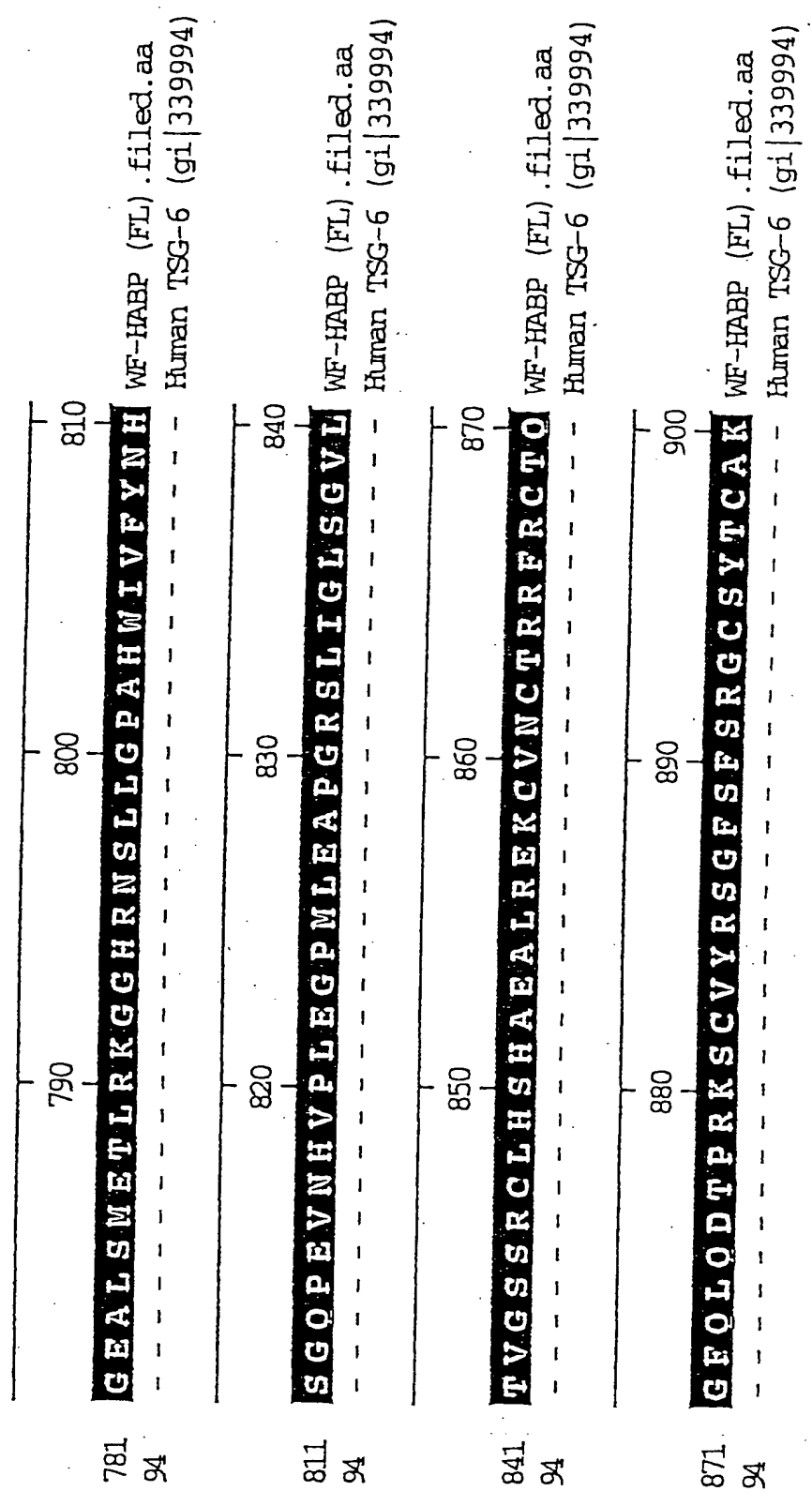




FIGURE 5I

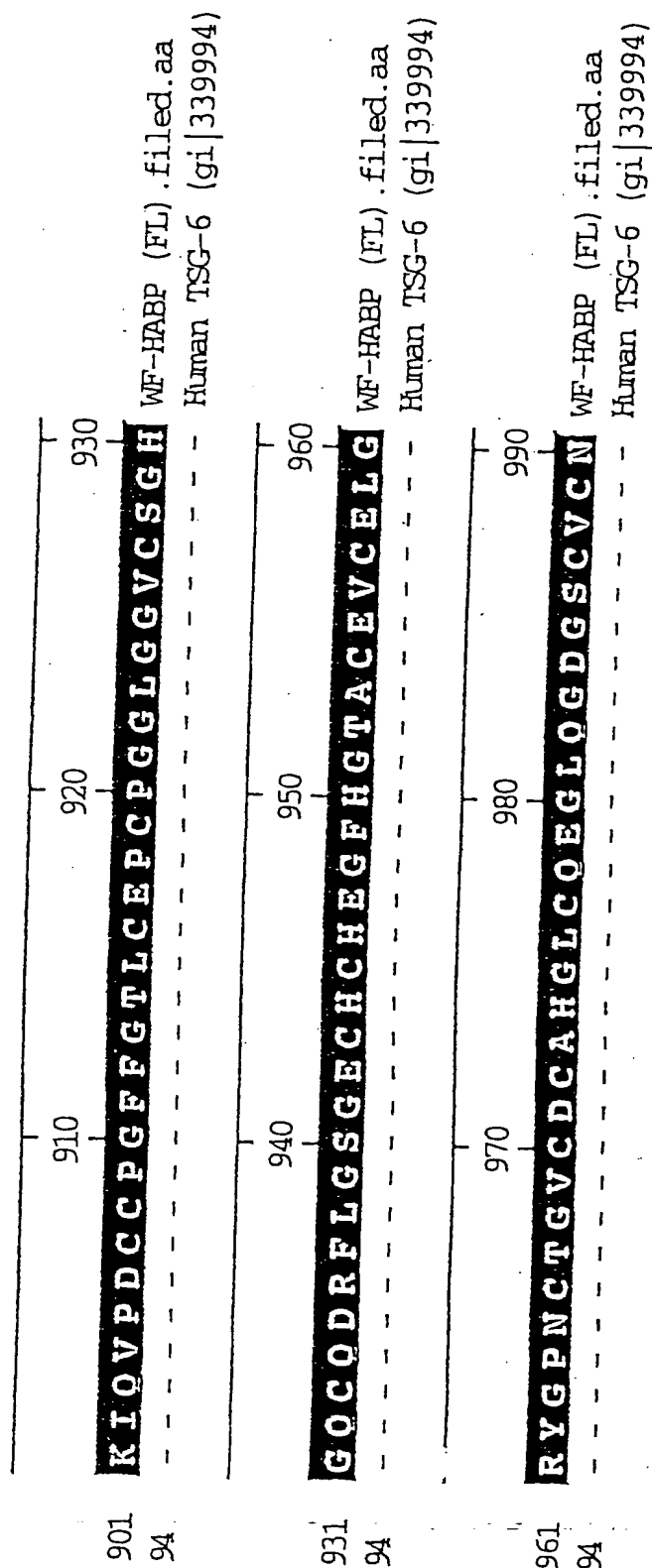




FIGURE 5J

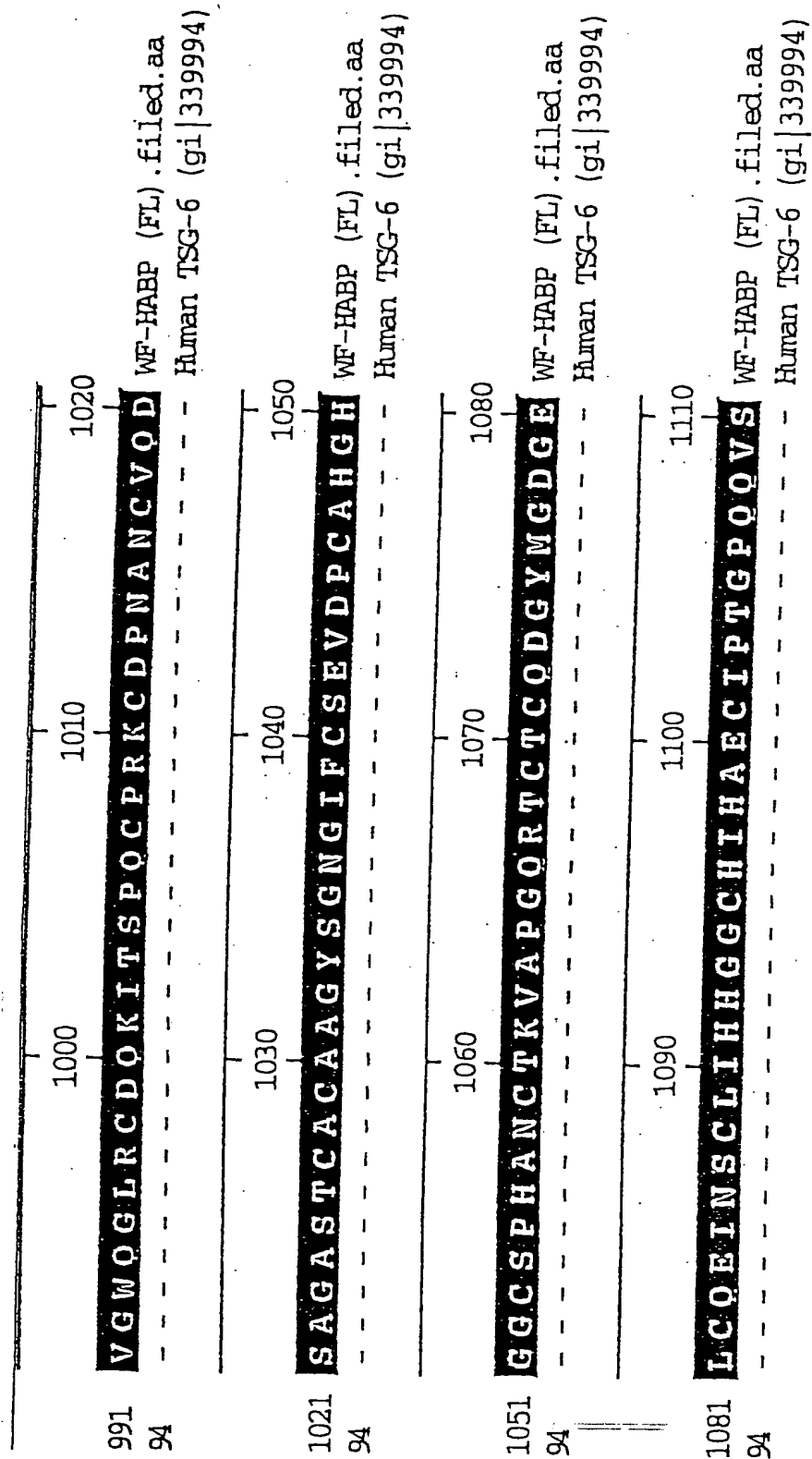




FIGURE 5K

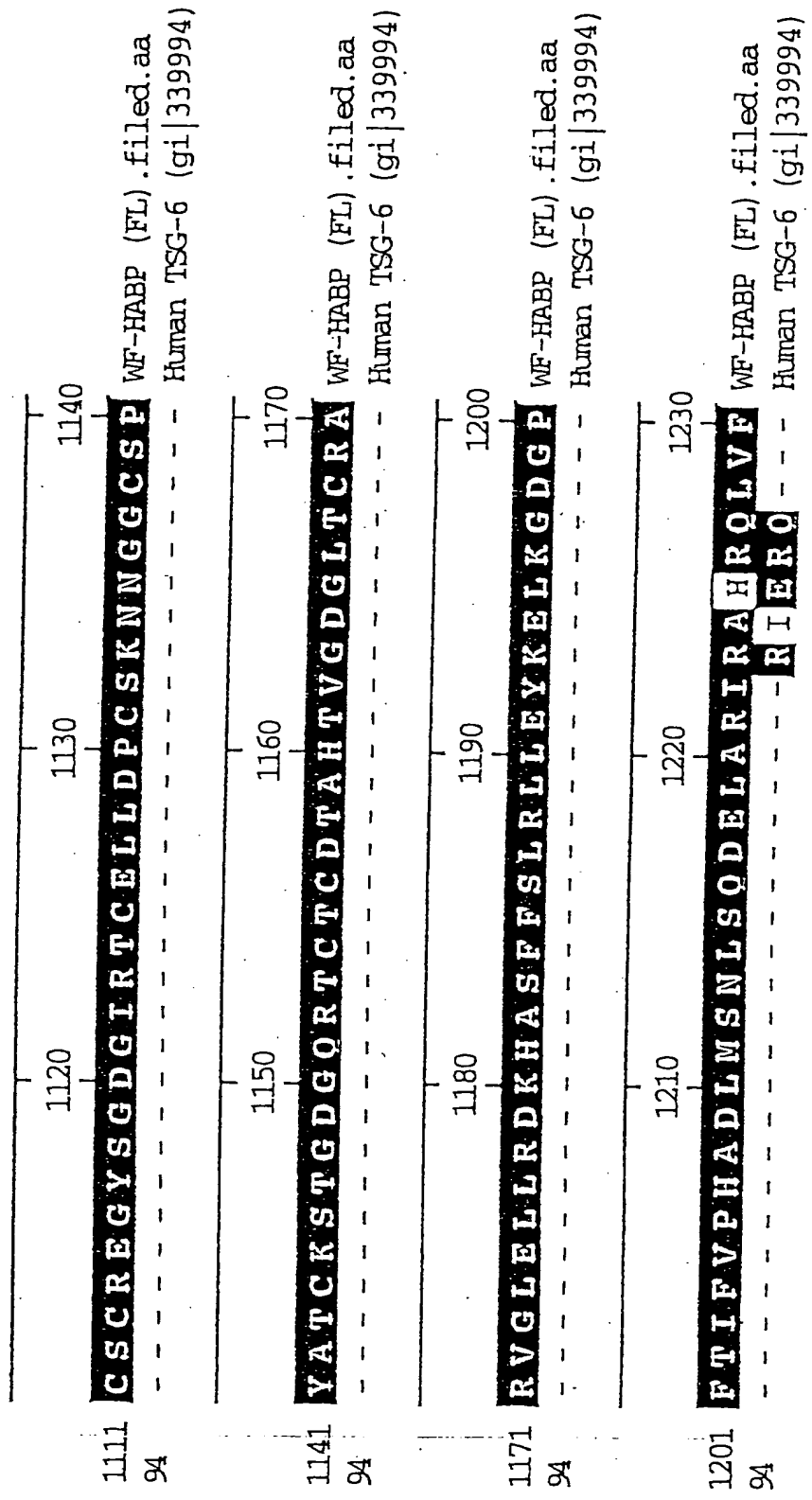




FIGURE 5L

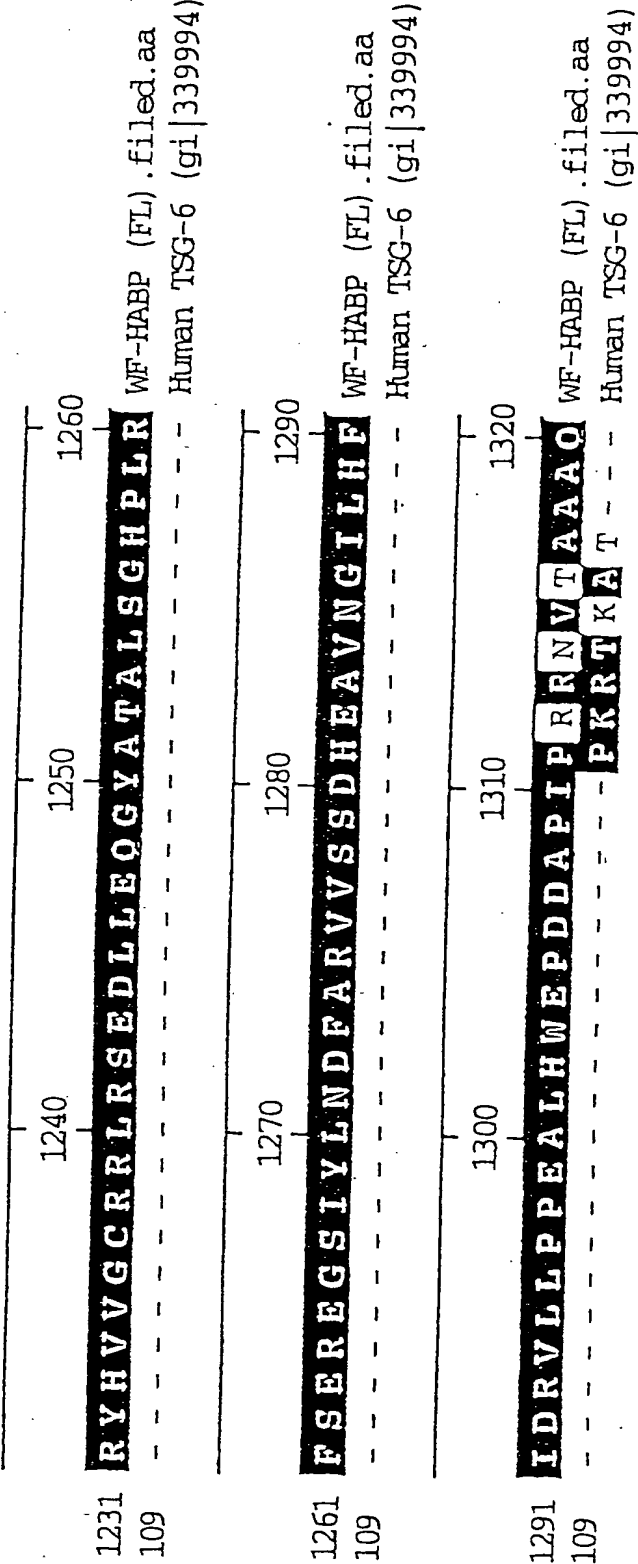




FIGURE 5M

|      |      |      |      |                         |
|------|------|------|------|-------------------------|
| 1321 | 1330 | 1340 | 1350 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 130  |      |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
|      |      |      |      |                         |
| 1351 | 1360 | 1370 | 1380 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 130  |      |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
|      |      |      |      |                         |
| 1381 | 1390 | 1400 | 1410 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 151  |      |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
|      |      |      |      |                         |
| 1411 | 1420 | 1430 | 1440 | WF-HABP (FL).filed.aa   |
| 151  |      |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |



FIGURE 5N

|      |                                       |      |      |                         |
|------|---------------------------------------|------|------|-------------------------|
| 1441 | 1450                                  | 1460 | 1470 |                         |
| 151  | <b>GGLAYGIDQLLEPPGLGARCDFEFTRPLRL</b> |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                 |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1471 | 1480                                  | 1490 | 1500 |                         |
| 151  | <b>NTCSICGLEPPCPEGSGQEGSPACWRFYP</b>  |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                 |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1501 | 1510                                  | 1520 | 1530 |                         |
| 151  | <b>KFWTSPPLHSLGLRSVWVHPSLWGRPQGLG</b> |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                 |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1531 | 1540                                  | 1550 | 1560 |                         |
| 151  | <b>RGCHRNCTTTWKPSCCPGHYGSECCQACP</b>  |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                 |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |





FIGURE 50

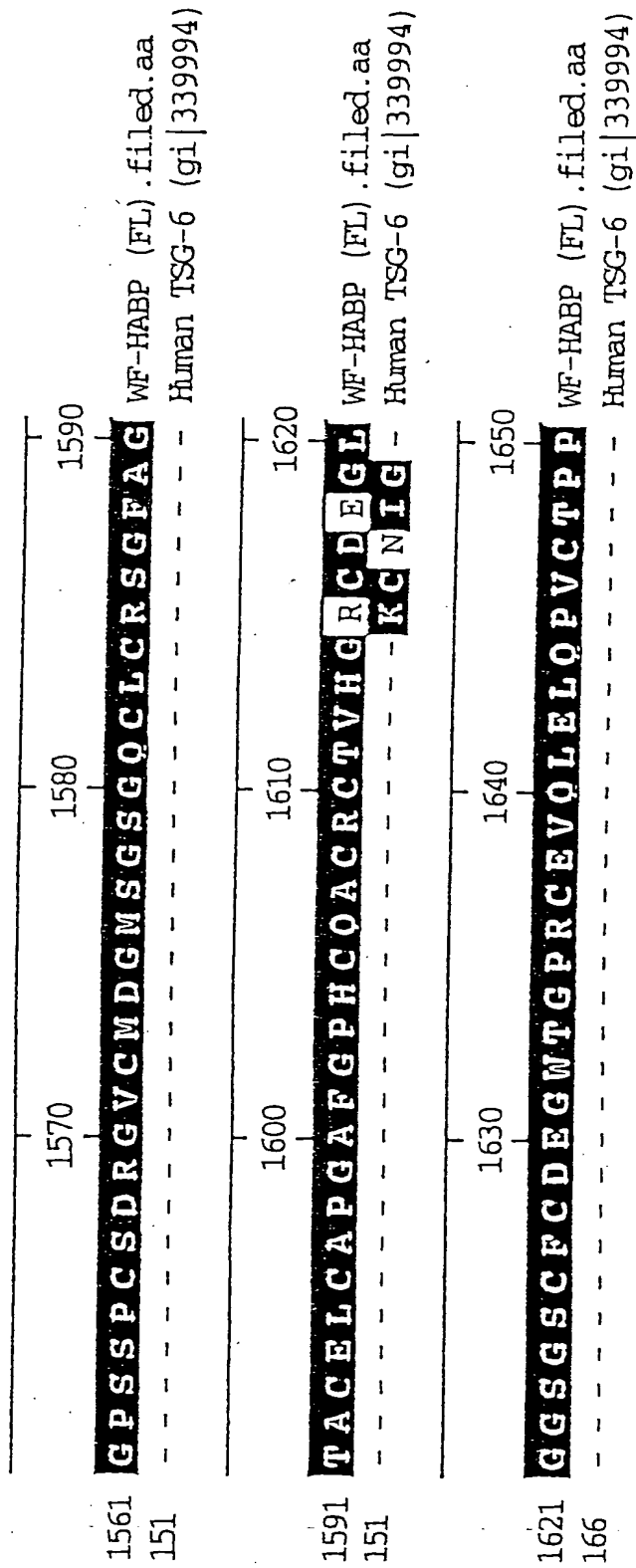




FIGURE 5P

|      |                                        |      |      |                         |
|------|----------------------------------------|------|------|-------------------------|
| 1651 | 1660                                   | 1670 | 1680 |                         |
| 166  | <b>CAPEAVCRAGNSCECSLGYESGDGRVCTVAD</b> |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                  |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1681 | 1690                                   | 1700 | 1710 |                         |
| 166  | <b>LCODGHGGCSEHANC SQVGTMTCTCLPDY</b>  |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                  |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1711 | 1720                                   | 1730 | 1740 |                         |
| 166  | <b>EGDGWSCRARNPCTDGHGGCSEHANCLST</b>   |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                  |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 1741 | 1750                                   | 1760 | 1770 |                         |
| 166  | <b>GLNTRRCECHAGYVGDGLQCLEESEPPVDR</b>  |      |      | WF-HABP (FL).filed.aa   |
|      | -----                                  |      |      | Human TSG-6 (gi 339994) |



FIGURE 5Q

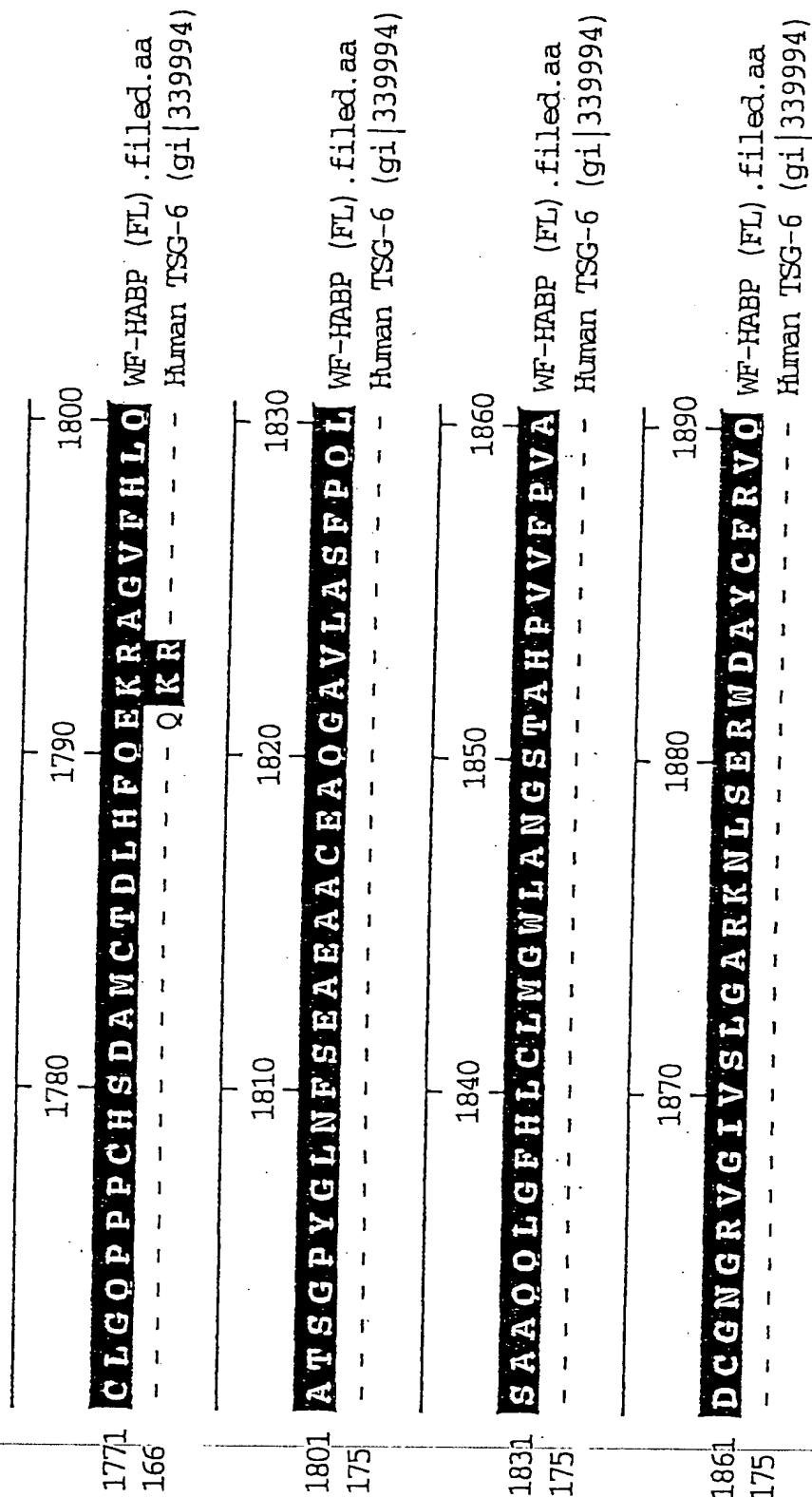




FIGURE 5R

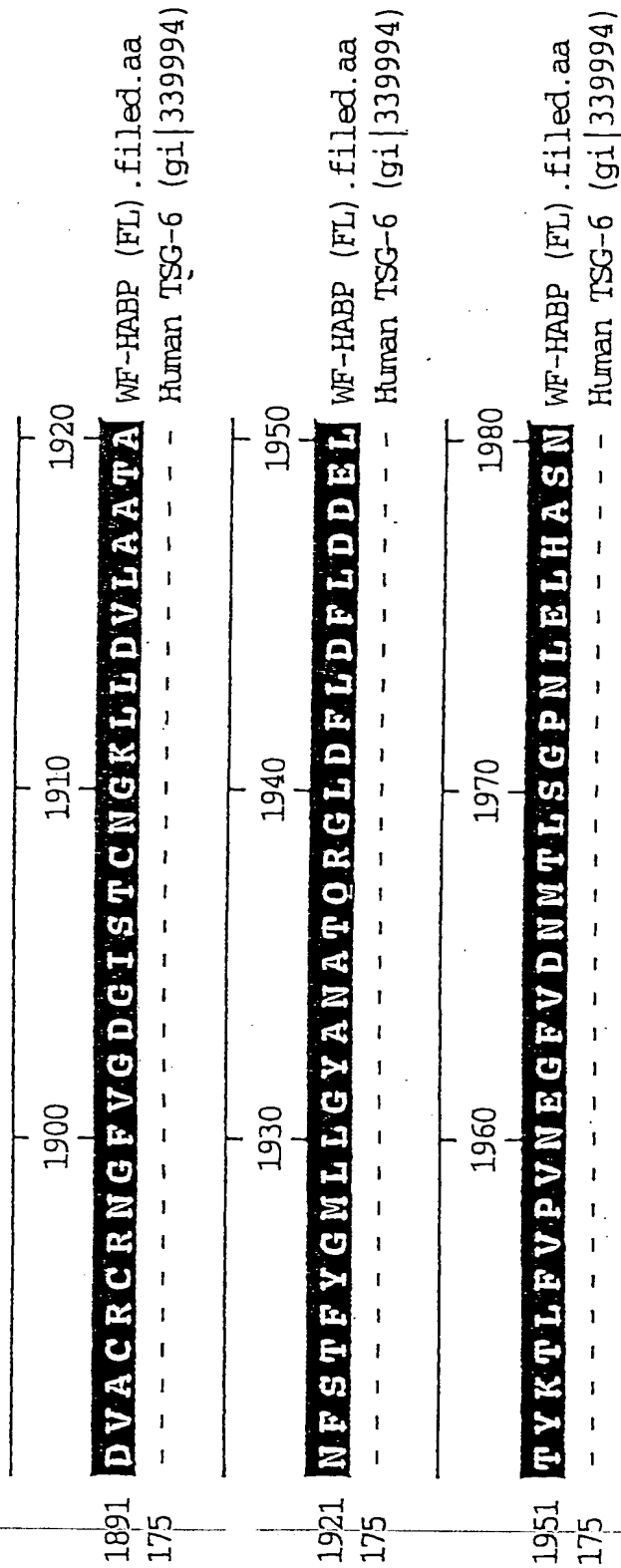




FIGURE 5S

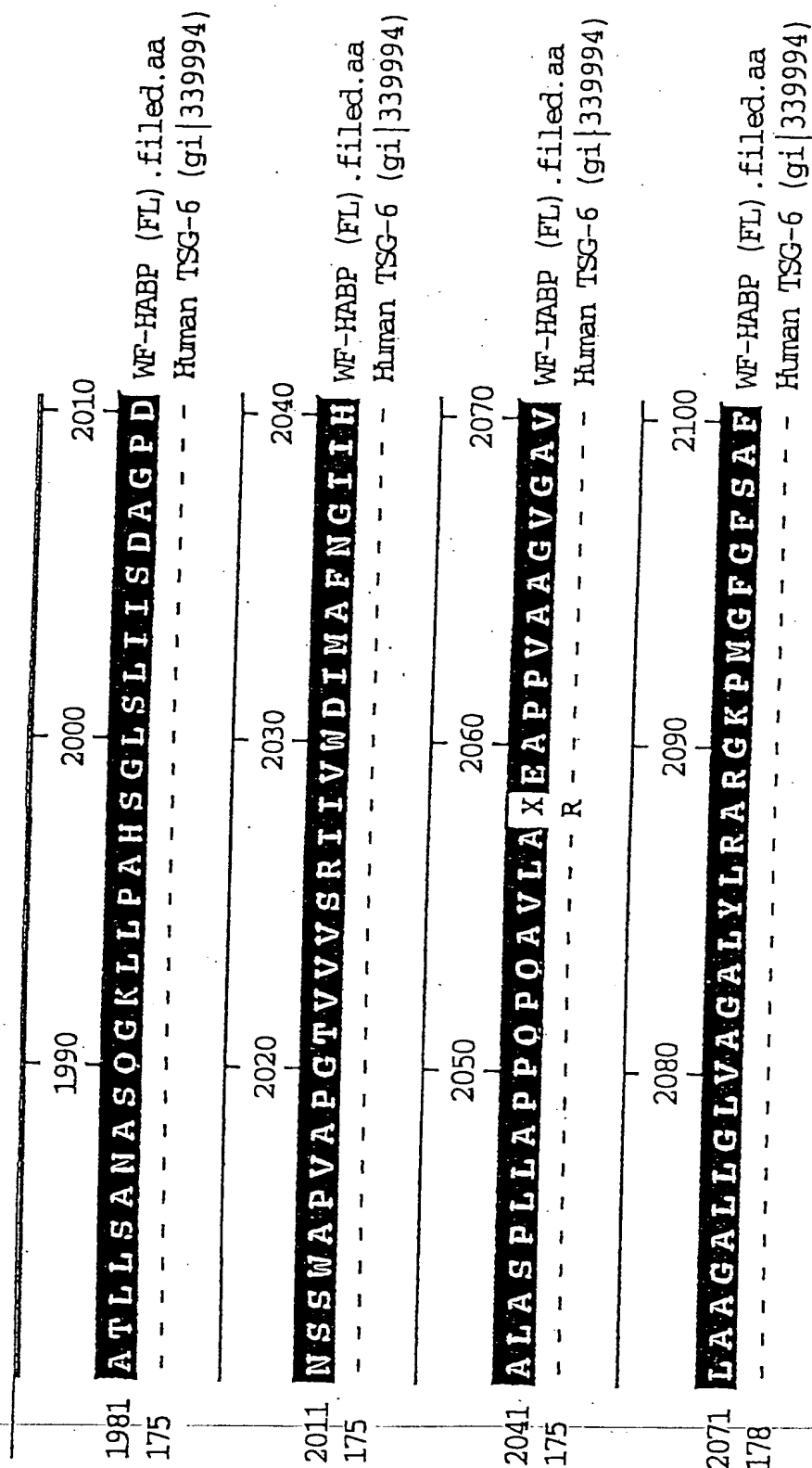
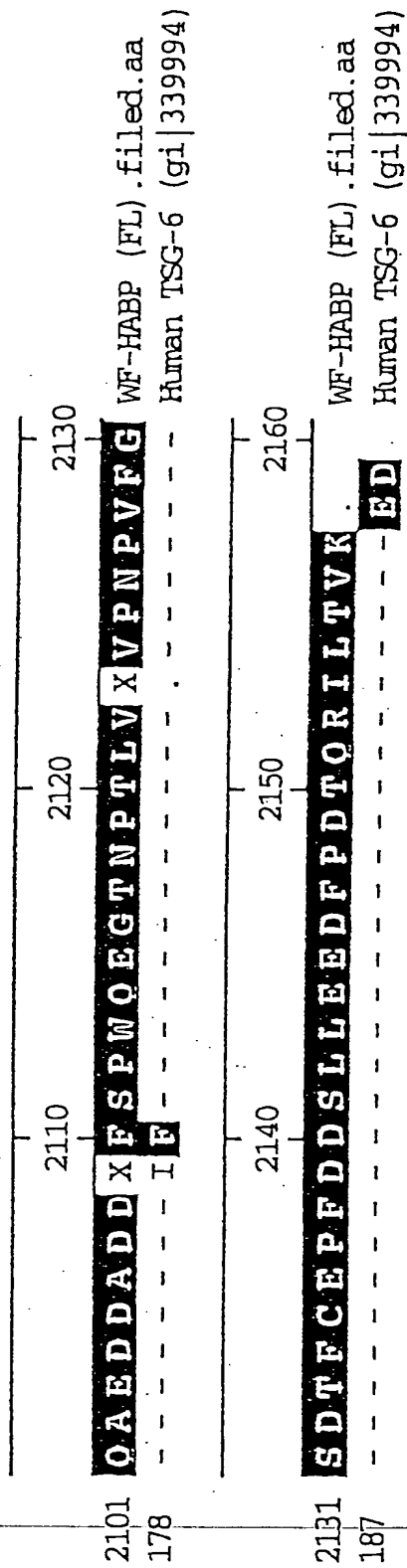
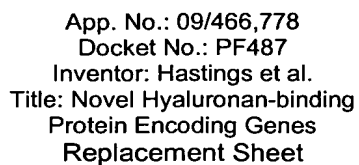




FIGURE 5T



Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.



|   |                           |                   |               |  |
|---|---------------------------|-------------------|---------------|--|
|   | 10                        | 20                | 30            |  |
| M | V T C T C L P D Y E G D G | W S C R A R N P C | T D G H R G G |  |
| T | M - - - - -               | R R K T A S R     | T E S K G -   |  |

WF-HABP AA SEQUENCE\*  
Human TSG-6 (gi|339994)

|                               |                               |    |    |  |
|-------------------------------|-------------------------------|----|----|--|
|                               | 40                            | 50 | 60 |  |
| C S E H A N C L S T G L N T R | R C E C H A G Y V G D G L Q C |    |    |  |
| - - - - -                     | T R K - - - - -               |    |    |  |

WF-HABP AA SEQUENCE\*  
Human TSG-6 (gi|339994)

|                                                             |           |           |           |  |
|-------------------------------------------------------------|-----------|-----------|-----------|--|
|                                                             | 70        | 80        | 90        |  |
| L E E S E P P V D R C L G Q P P P C H S D A M C T D L H F Q |           |           |           |  |
| - - - - -                                                   | - - - - - | - - - - - | - - - - - |  |

WF-HABP AA SEQUENCE\*  
Human TSG-6 (gi|339994)

|                                                           |           |           |           |  |
|-----------------------------------------------------------|-----------|-----------|-----------|--|
|                                                           | 100       | 110       | 120       |  |
| E K F A G V F H L Q A T S G P Y G L N F S E A E A C E A Q |           |           |           |  |
| - - - - -                                                 | - - - - - | - - - - - | - - - - - |  |

WF-HABP AA SEQUENCE\*  
Human TSG-6 (gi|339994)



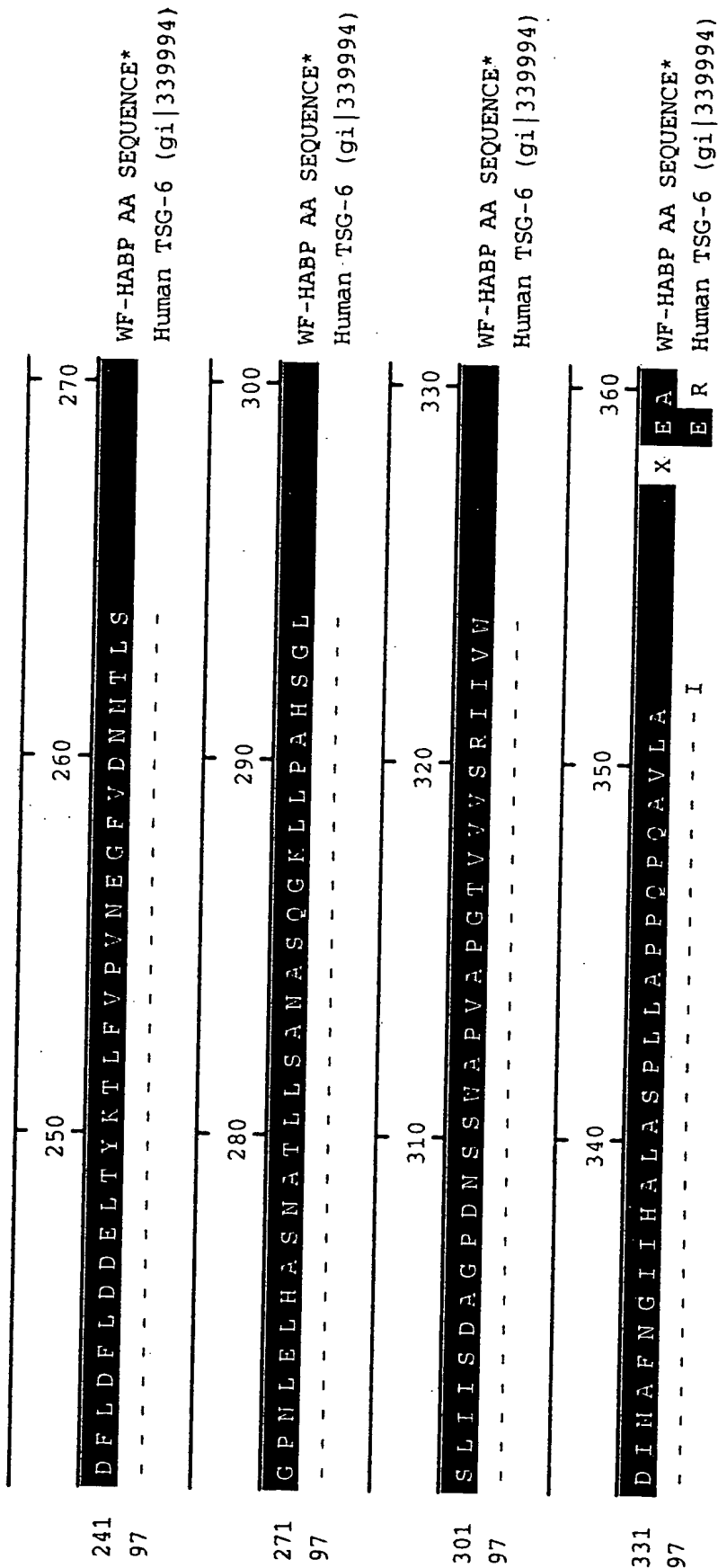
FIGURE 6B

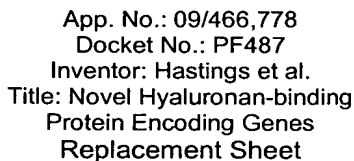
|     |                                                             |     |     |                         |
|-----|-------------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------|
| 121 | 130                                                         | 140 | 150 | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 61  | G A V L A S F P Q L S A A Q Q L G F H L C L H G F L A N G S |     |     | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     |                                                             |     |     |                         |
| 151 | 160                                                         | 170 | 180 | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 61  | T A H P V V F P V A D C G N G R V G I V S L G A R K N L S E |     |     | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     |                                                             |     |     |                         |
|     | 190                                                         | 200 | 210 | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 181 | R W D A Y C F R V Q D V A C R C R N G F V G D G I S T C N G |     |     | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 94  | R                                                           |     |     |                         |
|     | 220                                                         | 230 | 240 | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 211 | K L L D V L A A T A N F S T F Y G H L L G Y A N A T Q R G L |     |     | Human TSG-6 (gi 339994) |
| 97  |                                                             |     |     |                         |





FIGURE 6C



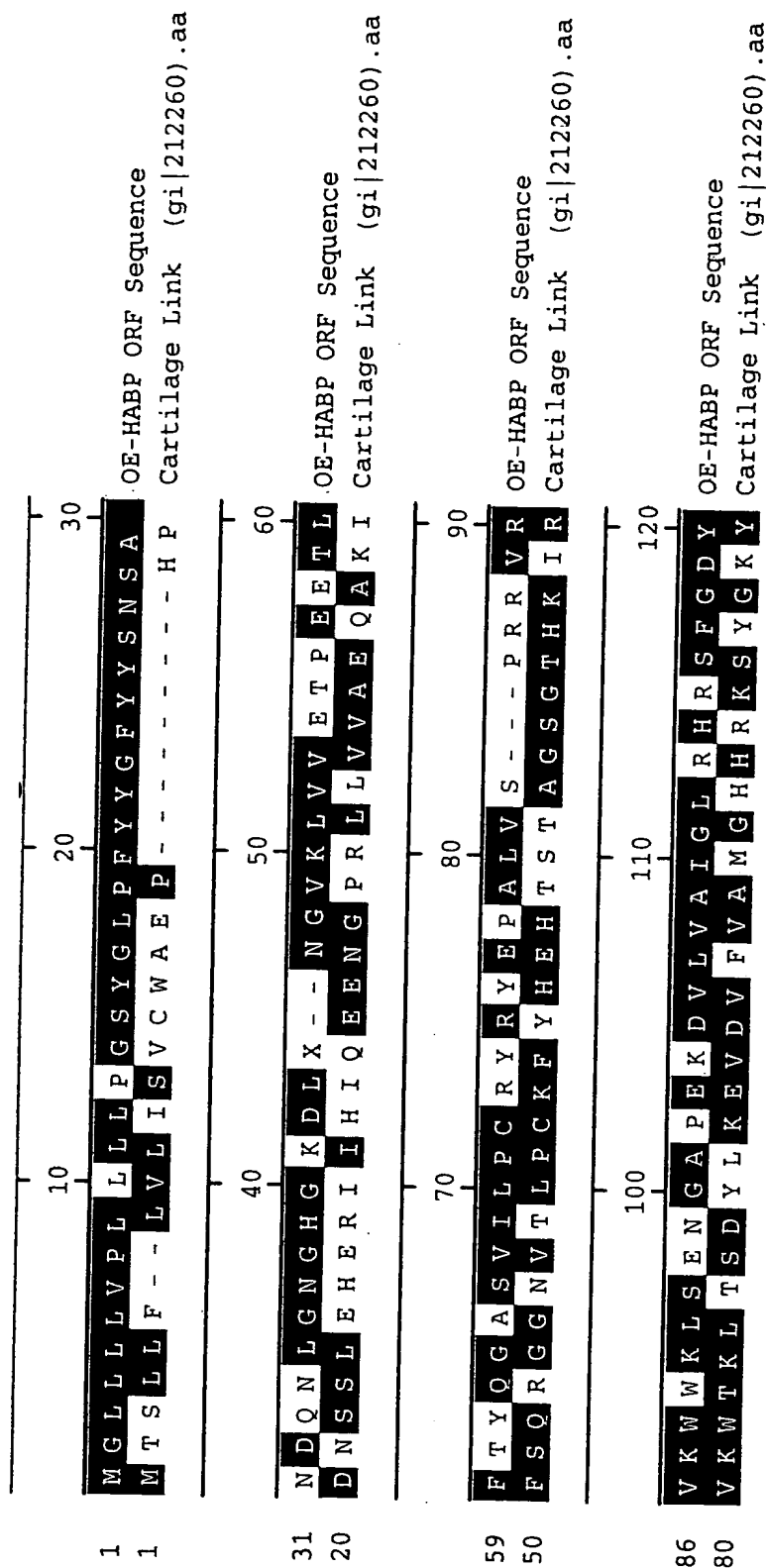


|     | 370                                                         | 380                     | 390     |                         |
|-----|-------------------------------------------------------------|-------------------------|---------|-------------------------|
| 361 | P P V A A G V G A V L A A G A L L G L V A G A L Y L R A R G |                         |         | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 106 | Q P - - - - -                                               | - - - - - K             | R T     | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     | 400                                                         | 410                     | 420     |                         |
| 391 | K P M G F G F S A F Q A E D D A D D                         | X F S P W Q E G T N P T |         | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 121 | K A - - - - -                                               | - T H Q K - - - - - R   | P K     | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     | 430                                                         | 440                     | 450     |                         |
| 421 | L V X V P N P V F G S D T F C E P F D D S L L E E D         | F P D T                 |         | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 148 | L K C - - - - -                                             | - - - - - N             | I G Q K | Human TSG-6 (gi 339994) |
|     | 460                                                         |                         |         |                         |
| 451 | Q R I L T V K                                               |                         |         | WF-HABP AA SEQUENCE*    |
| 172 | R R I F - - -                                               | E D X                   |         | Human TSG-6 (gi 339994) |

Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.



FIGURE 7A



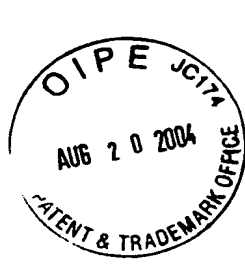


FIGURE 7B

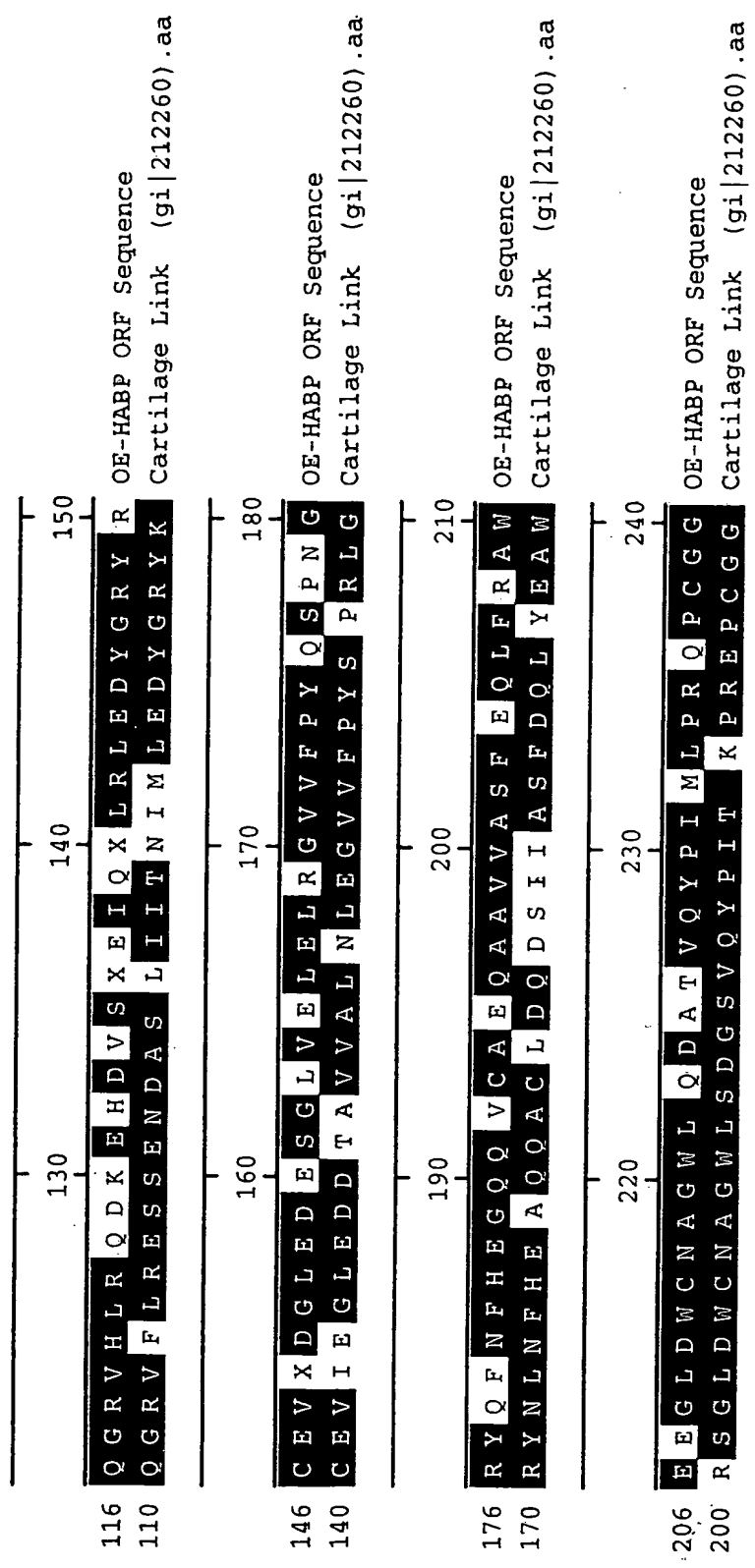




FIGURE 7C

|     |     |     |     |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                               |                      |
|-----|-----|-----|-----|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|-------------------------------|----------------------|
|     | 250 | 260 | 270 |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                               |                      |
| 236 | P   | D   | L   | A | P | G | V | R | S | Y | G | P | R | H | R | R | L | H | R | Y | D | V | F | C | F | A | T | A | L | X | OE-HABP ORF Sequence          |                      |
| 230 | K   | N   | T   | V | P | G | V | R | N | Y | G | F | W | D | K | E | R | S | R | Y | D | V | F | C | F | T | S | N | F | N | Cartilage Link (gi 212260).aa |                      |
|     | 280 | 290 | 300 |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                               |                      |
| 266 | G   | R   | V   | Y | Y | L | X | H | P | E | X | L | T | L | T | X | A | R | E | A | C | Q | - | - | - | - | - | - | - | - | -                             | OE-HABP ORF Sequence |
| 260 | G   | R   | F   | Y | Y | L | I | H | P | T | K | L | T | Y | D | E | A | V | Q | A | C | L | K | D | G | A | Q | I | A | K | Cartilage Link (gi 212260).aa |                      |
|     | 310 | 320 | 330 |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                               |                      |
| 288 | -   | -   | -   | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | OE-HABP ORF Sequence          |                      |
| 290 | V   | G   | Q   | I | F | A | A | W | K | L | L | G | Y | D | R | C | D | A | G | W | L | A | D | G | S | V | R | Y | P | I | Cartilage Link (gi 212260).aa |                      |

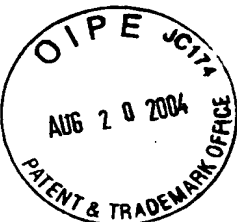
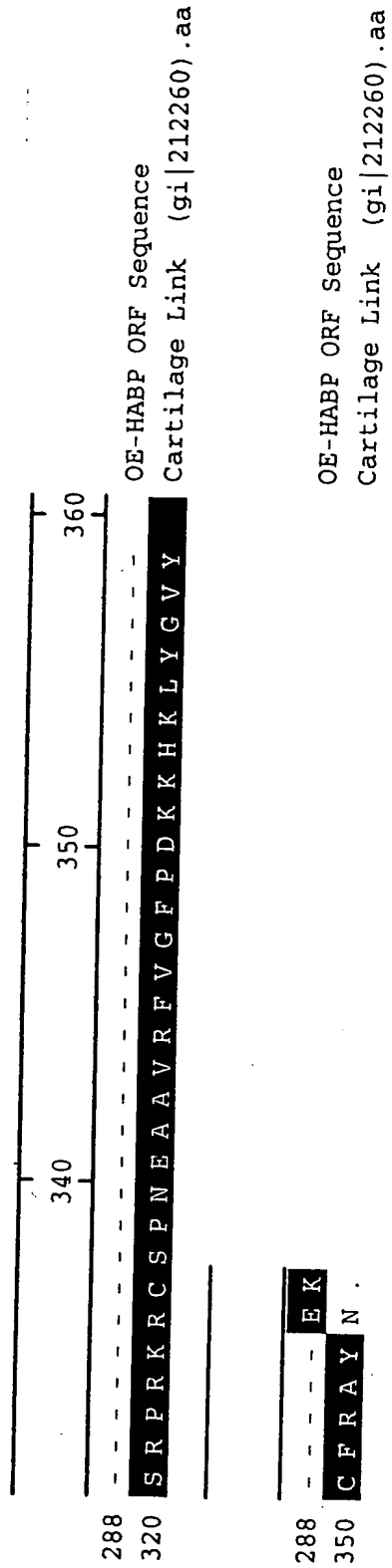


FIGURE 7D



Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.



FIGURE 8A

|    |   |     |     |     |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                      |   |                      |                       |                       |
|----|---|-----|-----|-----|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|----------------------|---|----------------------|-----------------------|-----------------------|
|    |   | 10  | 20  | 30  |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                      |   |                      |                       |                       |
| 1  | M | T   | G   | P   | G | K | H | K | C | E | C | K | S | H | Y | V | G | D | G | L | N | C | E | P | E | Q | L | P | I                    | D | BM-HABP AA SEQUENCE* |                       |                       |
| 1  | M | V   | -   | -   | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -                    | V | L                    | TSG-6 (GI 2062475).AA |                       |
|    |   | 40  | 50  | 60  |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                      |   |                      |                       |                       |
| 31 | R | C   | L   | Q   | D | N | G | Q | C | H | A | D | A | K | C | V | D | L | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -                    | - | -                    | -                     | BM-HABP AA SEQUENCE*  |
| 5  | L | C   | L   | -   | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | C | V | L | L | W | E | E | A | H | G | W | G | F                    | K | N                    | G                     | TSG-6 (GI 2062475).AA |
|    |   | 70  | 80  | 90  |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                      |   |                      |                       |                       |
| 49 | H | F   | Q   | D   | T | - | - | - | T | V | G | V | F | H | L | R | S | P | L | G | Q | Y | K | L | T | F | D | K | BM-HABP AA SEQUENCE* |   |                      |                       |                       |
| 24 | I | F   | H   | N   | S | I | W | L | E | Q | A | A | G | V | Y | H | R | E | A | R | A | G | R | Y | K | L | T | Y | A                    | E | -                    | -                     | TSG-6 (GI 2062475).AA |
|    |   | 100 | 110 | 120 |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |   |                      |   |                      |                       |                       |
| 74 | A | R   | E   | A   | C | A | N | E | A | A | T | M | A | T | Y | N | Q | L | S | Y | X | Q | K | A | K | Y | H | L | C                    | S | BM-HABP AA SEQUENCE* |                       |                       |
| 54 | A | K   | A   | V   | C | E | F | E | G | G | R | L | A | T | Y | K | Q | L | E | A | A | R | K | I | G | F | H | V | C                    | A | -                    | -                     | TSG-6 (GI 2062475).AA |



FIGURE 8B

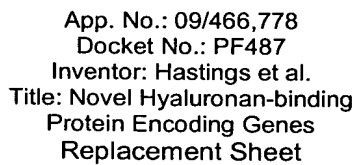
|     |                                                             |     |     |                       |
|-----|-------------------------------------------------------------|-----|-----|-----------------------|
|     | 130                                                         | 140 | 150 |                       |
| 104 | A G W L E T G R V A Y P T A F A S Q N C G S G V V G I V D Y |     |     | BM-HABP AA SEQUENCE*  |
| 84  | A G W M A K G R V G Y P I V K P G P N C G F G K T G I I D Y |     |     | TSG-6 (GI 2062475).AA |
|     | 160                                                         | 170 | 180 |                       |
| 134 | G P R P N K S E M W D V F C Y R M K D V N C T X - - - - K   |     |     | BM-HABP AA SEQUENCE*  |
| 114 | G I R L N R S E R W D A Y C Y N P H A K E C G G V F T D P K |     |     | TSG-6 (GI 2062475).AA |
|     | 190                                                         | 200 | 210 |                       |
| 159 | V G Y V G D G F S - - Y S G N L L - - - - - Q V             |     |     | BM-HABP AA SEQUENCE*  |
| 144 | R I F K S P G F P N E Y D D N Q V C Y W H I R L K Y G Q R I |     |     | TSG-6 (GI 2062475).AA |
|     | 220                                                         | 230 | 240 |                       |
| 176 | L M S F P S - - - - - L T N F L T E V L A Y S N S S         |     |     | BM-HABP AA SEQUENCE*  |
| 174 | H L S F L D F D L E H D P G C L A D Y V E I Y D S Y D D V H |     |     | TSG-6 (GI 2062475).AA |



FIGURE 8C

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|

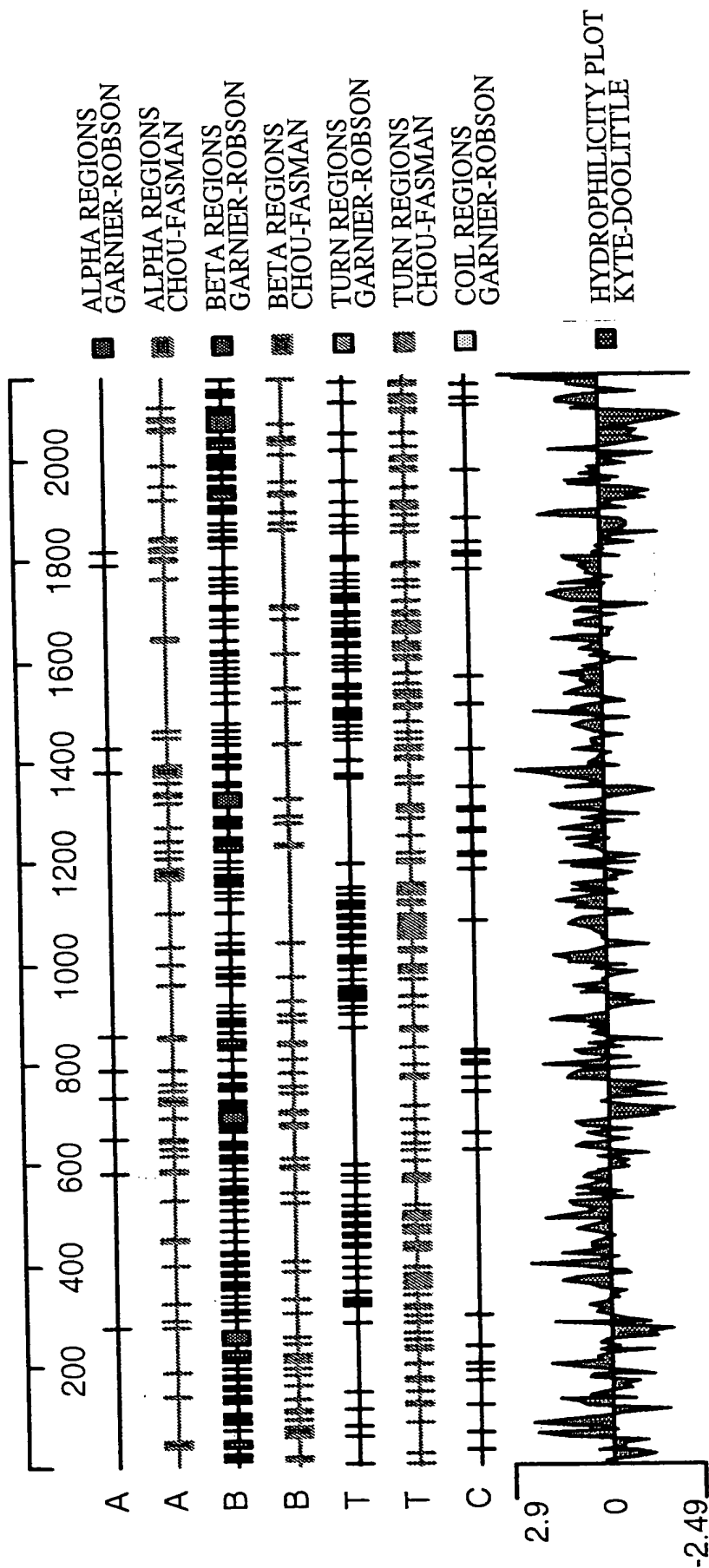


[illegible]

Decoration 'Decoration #1': Shade (with solid black) residues that match the Consensus exactly.



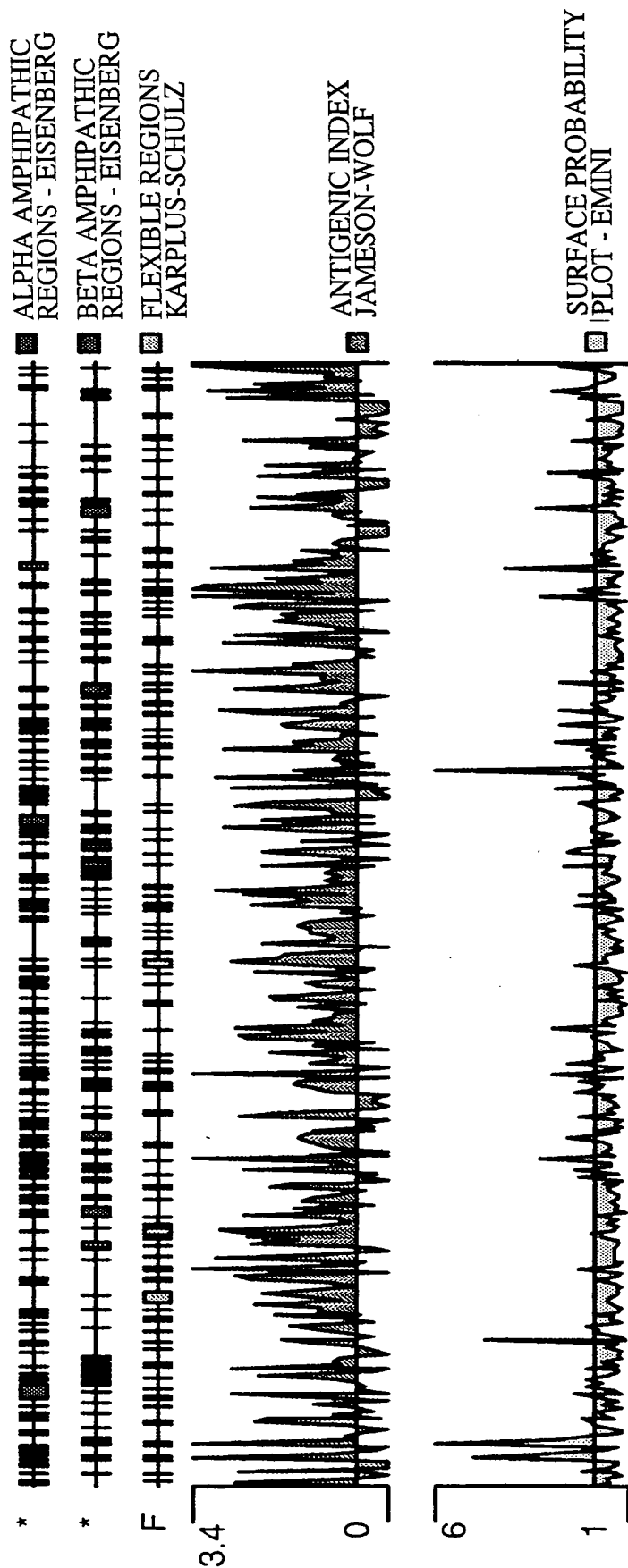
FIGURE 9A



BEST AVAILABLE COPY

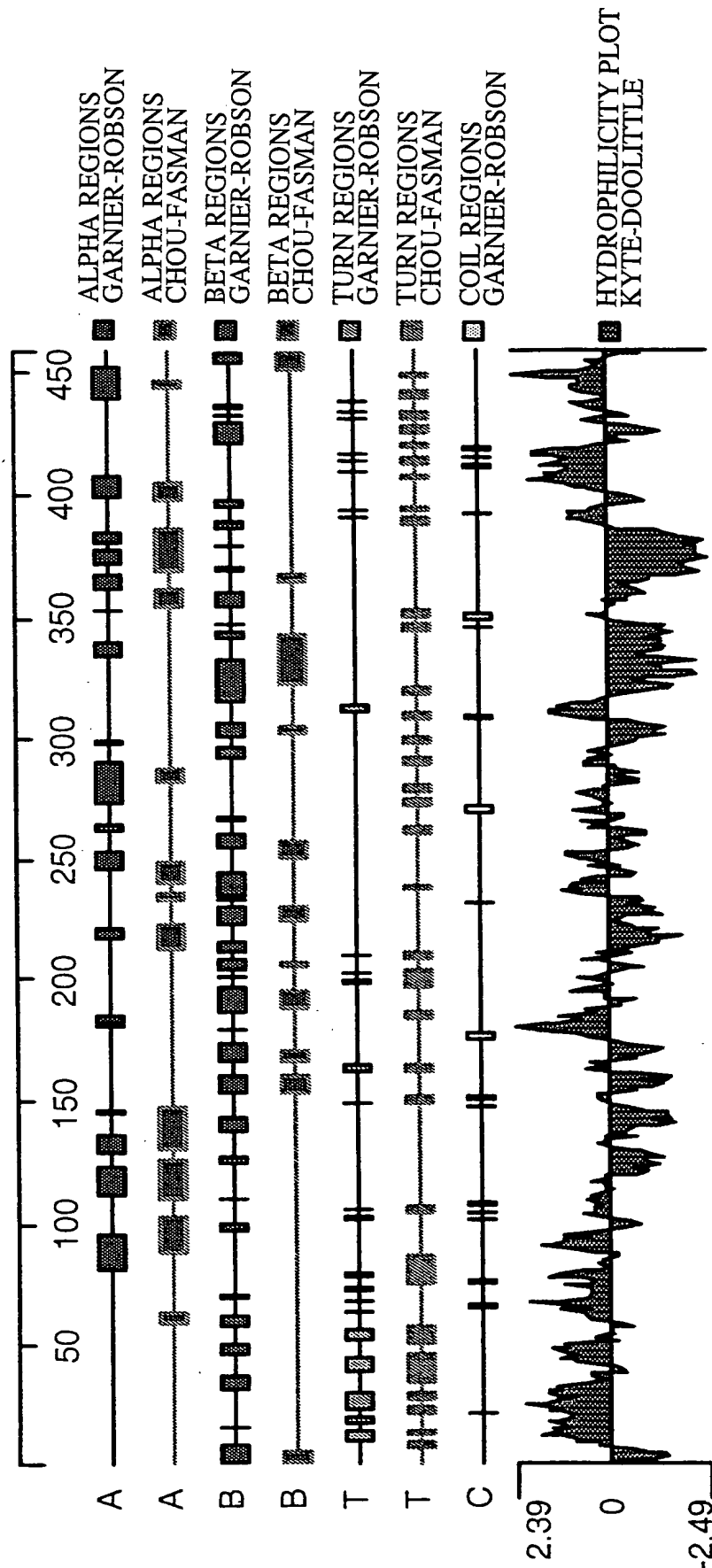


FIGURE 9B



BEST AVAILABLE COPY

FIGURE 10A

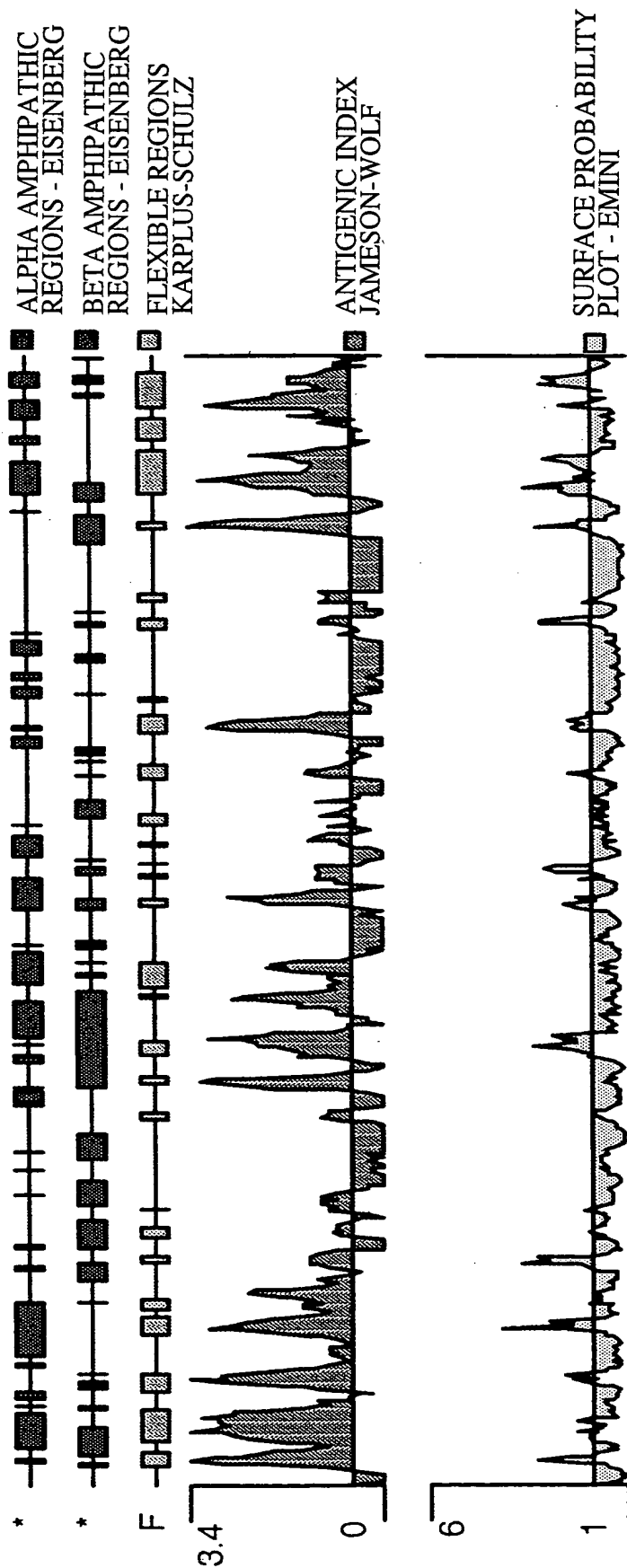


BEST AVAILABLE COPY





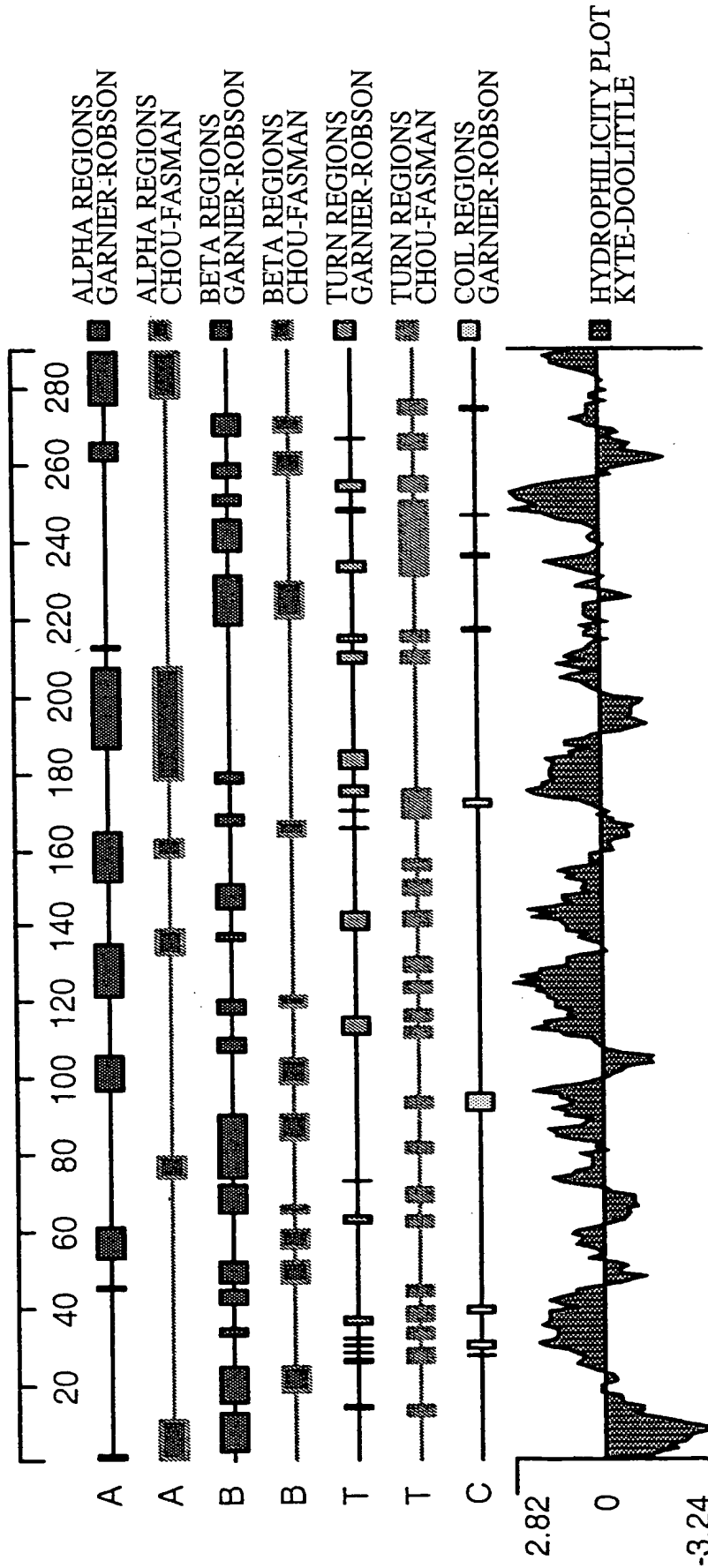
FIGURE 10B



BEST AVAILABLE COPY



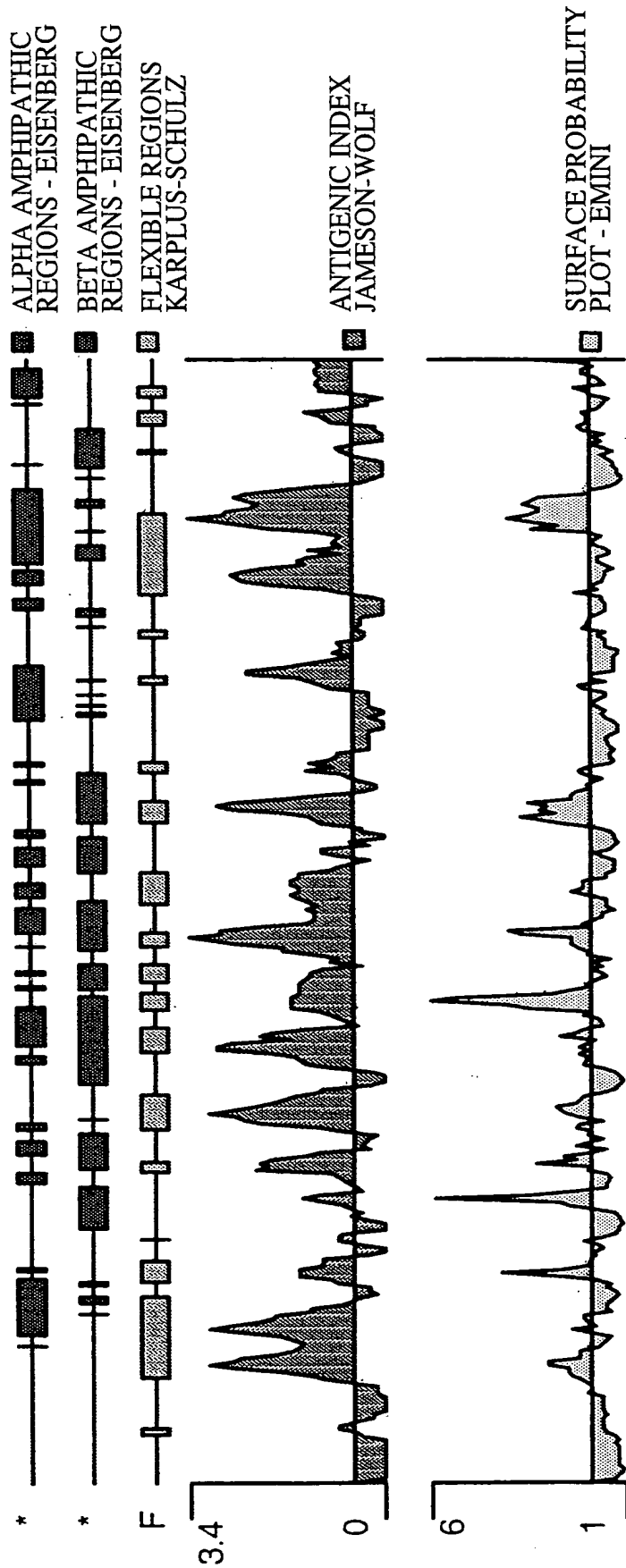
FIGURE 11A



AVAILABLE COPY



FIGURE 11B

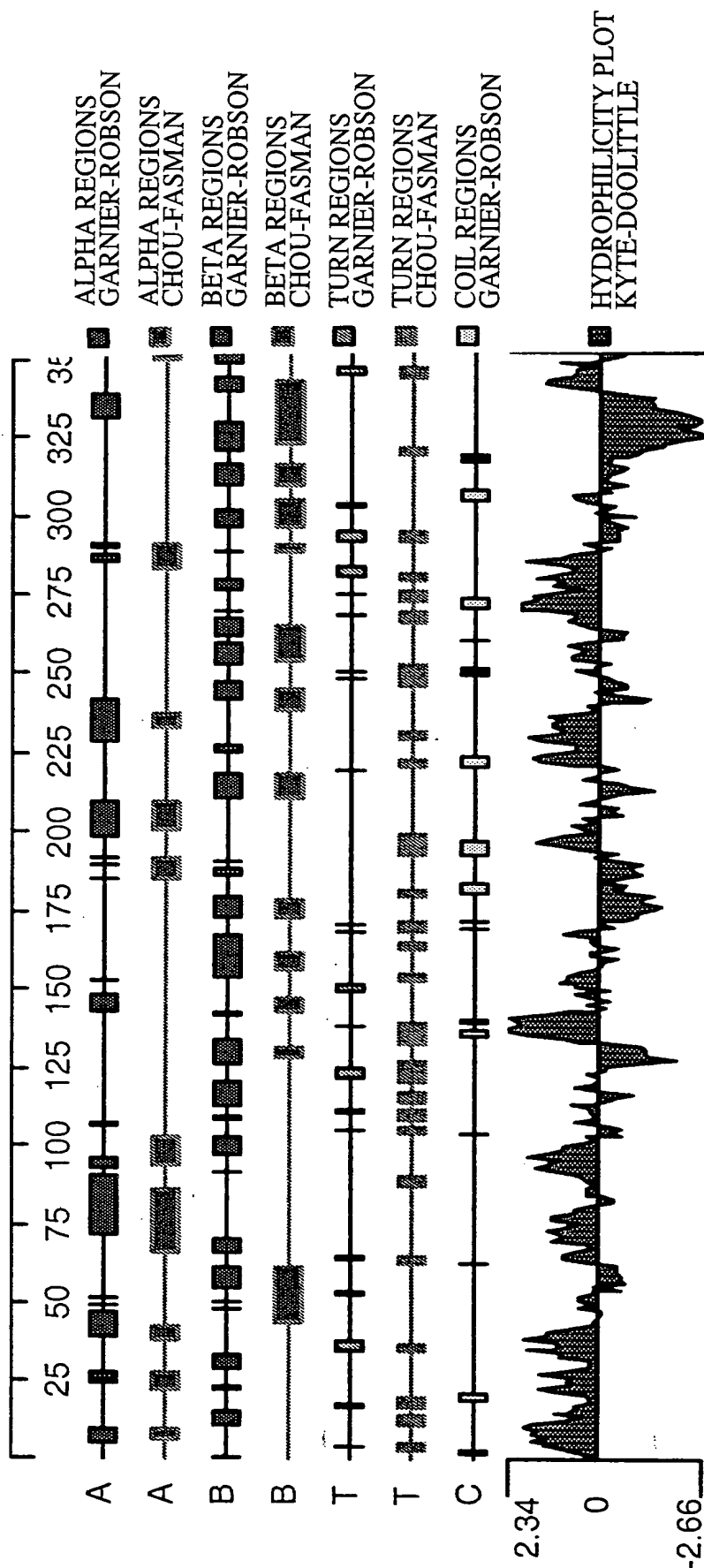


BEST AVAILABLE COPY





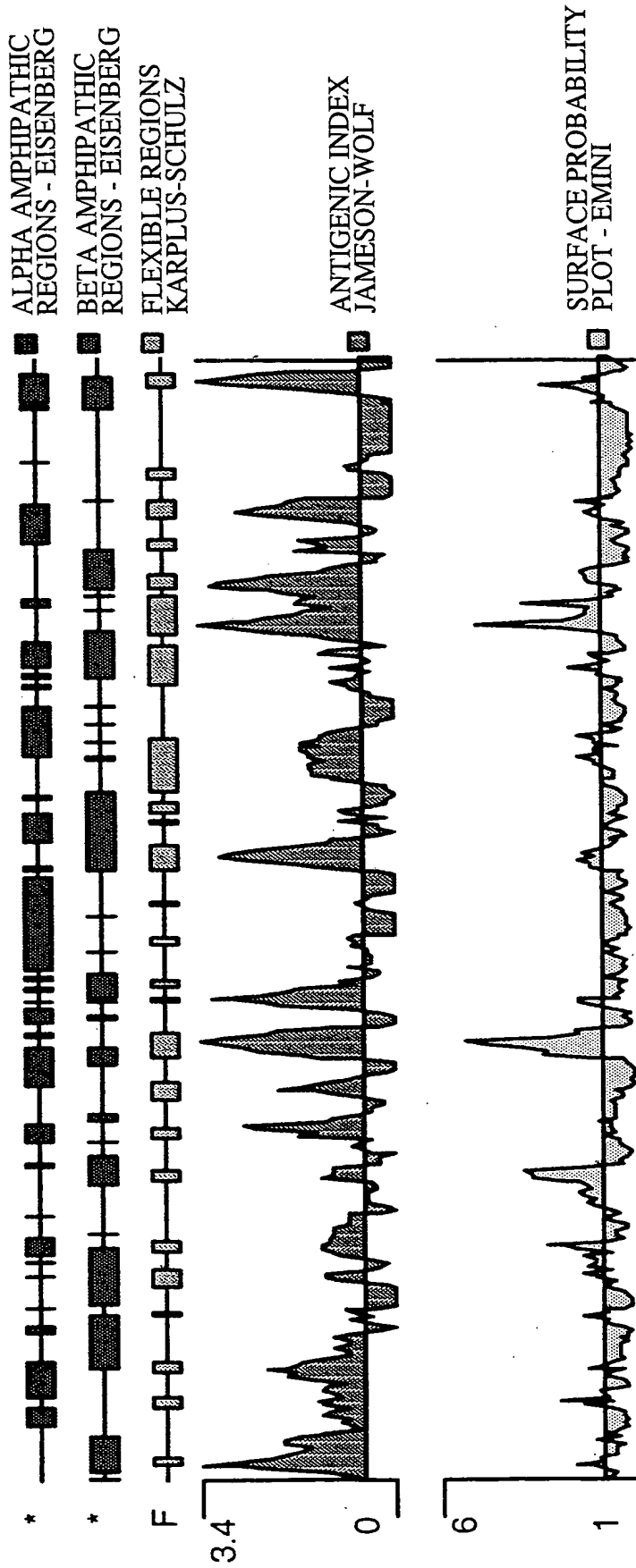
FIGURE 12A



BEST AVAILABLE COPY



FIGURE 12B



BEST AVAILABLE COPY